

Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/JP05/006222

International filing date: 24 March 2005 (24.03.2005)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: JP
Number: 2004-095732
Filing date: 29 March 2004 (29.03.2004)

Date of receipt at the International Bureau: 28 April 2005 (28.04.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse

日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日 Date of Application: 2004年 3月29日

出願番号 Application Number: 特願2004-095732

パリ条約による外国への出願に用いる優先権の主張の基礎となる出願の国コードと出願番号

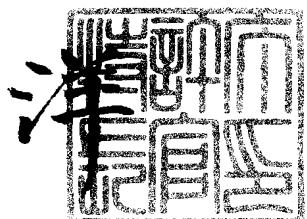
The country code and number of your priority application, to be used for filing abroad under the Paris Convention, is

出願人 Applicant(s): 独立行政法人科学技術振興機構

2005年 4月13日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

小川



【書類名】 特許願
【整理番号】 P04-0027
【提出日】 平成16年 3月29日
【あて先】 特許庁長官 殿
【国際特許分類】 C07K 14/435
【発明者】
【住所又は居所】 千葉県市川市若宮 1-13-6
【氏名】 島田 英昭
【発明者】
【住所又は居所】 千葉県千葉市中央区春日 2-5-10 西千葉ヒルズ春日405号
【氏名】 朝長 毅
【発明者】
【住所又は居所】 千葉県千葉市中央区星久喜町 1063-28
【氏名】 日和佐 隆樹
【発明者】
【住所又は居所】 千葉県千葉市中央区矢作町 540-36
【氏名】 松下 一之
【発明者】
【住所又は居所】 千葉県千葉市中央区汐見が丘 7-15
【氏名】 落合 武徳
【発明者】
【住所又は居所】 千葉県千葉市若葉区都賀の台 1-20-11
【氏名】 野村 文夫
【特許出願人】
【識別番号】 503360115
【氏名又は名称】 独立行政法人科学技術振興機構
【代理人】
【識別番号】 100091096
【弁理士】
【氏名又は名称】 平木 祐輔
【選任した代理人】
【識別番号】 100096183
【弁理士】
【氏名又は名称】 石井 貞次
【選任した代理人】
【識別番号】 100118773
【弁理士】
【氏名又は名称】 藤田 節
【選任した代理人】
【識別番号】 100120905
【弁理士】
【氏名又は名称】 深見 伸子
【手数料の表示】
【予納台帳番号】 015244
【納付金額】 21,000円
【提出物件の目録】
【物件名】 特許請求の範囲 1
【物件名】 明細書 1
【物件名】 図面 1

【物件名】

要約書 1

【書類名】特許請求の範囲

【請求項 1】

配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固体癌抗原ポリペプチド。

【請求項 2】

請求項1に記載のヒト固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド。

【請求項 3】

配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチド。

【請求項 4】

被験者に由来するサンプル中の1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固体癌診断キットにおいて、該ヒト固体癌抗原ポリペプチドが配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固体癌診断キット。

【請求項 5】

被験者に由来するサンプル中の1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固体癌診断キットにおいて、該ヒト固体癌抗原ポリペプチドが配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固体癌診断キット。

【請求項 6】

ヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が該固体癌抗原ポリペプチド又はその部分ペプチドである、請求項4又は5記載の固体癌診断キット。

【請求項 7】

ヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が該固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項4又は5記載の固体癌診断キット。

【請求項 8】

ヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が、該固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列からなるポリヌクレオチドを含むプライマー又はプローブである、請求項4又は5記載の固体癌診断キット。

【請求項 9】

ヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が固相上に固定化されている、請求項4～8のいずれか1項に記載の固体癌診断キット。

【請求項 10】

ヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が標識されている、請求項4～9のいずれか1項に記載の固体癌診断キット。

【請求項 11】

固体癌が、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌からなる群より選択されるものである、請求項4～10のいずれか1項に記載の固体癌診断キット。

【請求項 12】

サンプルが、血清、血液、血液細胞及び組織からなる群より選択されるものである、請

求項4～11のいずれか1項に記載の固体癌診断キット。

【請求項13】

1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固体癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固体癌抗原ポリペプチドが配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固体癌の予防又は治療用医薬。

【請求項14】

1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固体癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固体癌抗原ポリペプチドが配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固体癌の予防又は治療用医薬。

【請求項15】

ヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項13又は14記載の医薬。

【請求項16】

ヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段である、請求項13又は14記載の医薬。

【請求項17】

ヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段である、請求項13又は14記載の医薬。

【請求項18】

固体癌治療薬又は固体癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固体癌にターゲティングする手段とを含む、固体癌の予防又は治療用医薬。

【請求項19】

ヒト固体癌にターゲティングする手段が固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項18記載の医薬。

【請求項20】

ヒト固体癌にターゲティングする手段が固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列である、請求項18記載の医薬。

【書類名】明細書

【発明の名称】 固形癌診断キット及び固体癌治療用医薬

【技術分野】

【0001】

本発明は、固体癌診断キット及び固体癌の予防又は治療用医薬に関する。

【背景技術】

【0002】

食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等の固体癌はいずれも悪性の腫瘍であり、特に進行性の固体癌は治療が困難で多くの場合に致命的となる。従って、固体癌に対する対策としては癌腫の早期発見が最も重要な課題である。

【0003】

上記の固体癌の診断及び予後の観察には、従来から腫瘍マーカーとしてCEA、CA19-9等が報告され、用いられている。しかしながら、いずれも陽性率は20～30%程度にすぎず、特に早期癌においてはほとんどのマーカーが陰性を示す。また、上述のように進行した固体癌は治療成績が不良であり、早期発見が最も大きな効果をもたらすことから、新規かつ有用な腫瘍マーカーを発見することが期待されている。

【0004】

なお、抗原タンパク質マーカーを用いた分子生物学的診断方法としては、例えば特許公報1～3が知られている。また、担癌患者の腫瘍細胞のmRNAから作製したタンパク質を患者の自己血清でスクリーニングするSEREX法(serological identification of antigens by recombinant expression cloning)が報告され(非特許文献1及び特許文献4)、悪性黒色腫、腎癌、食道癌、大腸癌、肺癌等においてIgG抗体が認識する癌抗原を、上記SEREX法により単離した報告もなされている(非特許文献2～7)。さらに、特許文献5には、SEREX法によって特定した悪性黒色腫抗原タンパク質とそれをコードするDNA配列、並びにこれらを使用した悪性黒色腫の診断方法が開示されている。しかしながら、固体癌の診断精度をさらに向上させるためには、抗原性の高いタンパク質マーカーをより多く準備し、それらを組み合わせて使用することが不可欠である。

【0005】

一方、固体癌の治疗方法としては、癌組織の外科的な切除や全身性の抗癌剤投与等が行われている。しかしながら、前記のとおり、進行性に移行した固体癌の場合にはこれらの治療法も効果は少なく、また早期に発見した場合であっても、これらの治療法は患者に大きな身体的負担を負わせるという問題を有している。

【0006】

【特許文献1】特開平7-51065号公報

【特許文献2】再表00/060073号公報

【特許文献3】特表2000-511536号公報

【特許文献4】米国特許第5,698,396号

【特許文献5】特開2001-333782号公報

【非特許文献1】Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92:11810-11813, 1995

【非特許文献2】Int. J. Cancer 72: 965-971, 1997

【非特許文献3】Cancer Res. 58:1034-1041, 1998

【非特許文献4】Int. J. Cancer 29:652-658, 1998

【非特許文献5】Int. J. Oncol. 14:703-708, 1999

【非特許文献6】Cancer Res. 56:4766-4772, 1996

【非特許文献7】Hum. Mol. Genet 6:33-39, 1997

【発明の開示】

【発明が解決しようとする課題】

【0007】

上述したように、固体癌の早期診断のための方法として、癌組織特異的な抗原タンパク

質マーカーを用いた分子生物学的診断方法の有効性が指摘されており、そのための新しい抗原タンパク質マーカーも幾つか提案されている。しかしながら、その診断精度をさらに向上させるためには、抗原性の高いタンパク質マーカーをより多く準備し、それらを組み合わせて使用することが不可欠である。

【0008】

また、それらの抗原タンパク質マーカーは固体癌組織で優性に発現するため、癌組織のみを標的とする治療法への応用も期待される。

【0009】

従って、本発明は、新規な固体癌抗原タンパク質、並びに該抗原タンパク質に基づく固体癌診断キット及び固体癌治療剤を提供することを目的とする。

【課題を解決するための手段】

【0010】

本発明者は、上記課題を解決するため鋭意検討を行った結果、ヒト固体癌に特異的な新規な抗原ポリペプチドを見出し、この抗原ポリペプチドの発現を利用することによって、固体癌を診断し、また固体癌の予防及び治療を行うことができるという知見を得、本発明を完成するに至った。

【0011】

すなわち、本発明は、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固体癌抗原ポリペプチドである。

また本発明は、上記ヒト固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドである。

【0012】

本発明はまた、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドである。

【0013】

さらに本発明は、被験者に由来するサンプル中の1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固体癌診断キットにおいて、該ヒト固体癌抗原ポリペプチドが配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固体癌診断キットである。

【0014】

また本発明は、被験者に由来するサンプル中の1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固体癌診断キットにおいて、該ヒト固体癌抗原ポリペプチドが配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固体癌診断キットである。

【0015】

上記ヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段としては、該固体癌抗原ポリペプチド又はその部分ペプチド、該固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体、及び該固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列からなるポリヌクレオチドを含むプライマー又はプローブが挙げられる。

【0016】

また、上記ヒト固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段は、固相上に固定

化されていてもよいし、及び／又は標識されていてもよい。

上記固体癌としては、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌が含まれる。

また上記サンプルは、例えば血清、血液、血液細胞及び組織が含まれる。

【0017】

本発明はまた、1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固体癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固体癌抗原ポリペプチドが配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固体癌の予防又は治療用医薬である。

【0018】

また本発明は、1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固体癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固体癌抗原ポリペプチドが配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固体癌の予防又は治療用医薬である。

【0019】

上記ヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段としては、該固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体、該固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段、及び該固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段が挙げられる。

【0020】

さらに本発明は、固体癌治療薬又は固体癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固体癌にターゲティングする手段とを含む、固体癌の予防又は治療用医薬である。

【0021】

上記ヒト固体癌にターゲティングする手段としては、固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体、及び固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列が挙げられる。

【発明の効果】

【0022】

本発明に係る固体癌診断キットにより、固体癌を高精度で診断することができ、固体癌の早期診断に有用である。また、本発明に係る固体癌の予防用医薬又は治療用医薬により、固体癌のみを標的とする治療を行うことが可能となる。

【発明を実施するための最良の形態】

【0023】

以下、本発明を詳細に説明する。

1. 新規なヒト固体癌抗原ポリペプチド

本発明は、ヒト固体癌に特異的な新規抗原ポリペプチドに基づくものである。本発明者は、大腸癌患者の手術標本の正常部と癌部から患者本人の了解を得てタンパク質を抽出し、二次元電気泳動法（例えば、Electrophoresis 22:3019-3025, 2001）により解析することによって、固体癌細胞において特異的に発現し、従来は腫瘍マーカーとしての機能が知られていなかった20種の抗原ポリペプチド（表1の1～20番に示す）を見出した（実施例1参照）。また食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者の了解を得て採取した血清をS E R E X法（非特許文献1、特許文献4）によって解析し、食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者の血清中にのみ存在する19種の特異的抗体に対する抗原ポリペプチド（表1の21～39番に示す）を見出した（実施例2参照）。これらの固体癌抗原ポリペプチドを表1に示す。

【0024】

【表 1】

No.	名称	登録番号	塩基配列	アミノ酸配列	クローン名
1	リンゴ酸デヒドロゲナーゼ 2	NP_005909, NM_005918	1	2	
2	トロポミオシン 4	NP_003281, NM_003290	3	4	
3	FK506 結合タンパク質 4	NP_002005, NM_002014	5	6	
4	シャペロニン含有 TCP1, サブユニット 6A	NP_001753, NM_001762	7	8	
5	セリンプロテアーゼインヒビター, クレード H, コラーゲン結合タンパク質 1	NP_001226, NM_001235	9	10	
6	硫化物デヒドロゲナーゼ様	NP_067022, NM_021199	11	12	
7	ヒドロキシステロイド(17- β)デヒドロゲナーゼ 4	NP_000405, NM_000414	13	14	
8	ストレス誘導性リンタンパク質 1	NP_006810, NM_006819	15	16	
9	異種核リボ核タンパク質 L	NP_001524, NM_001533	17	18	
10	異種核リボ核タンパク質 U	NP_004492, NM_004501	19	20	
11	マトリン 3	NP_061322, NM_018834	21	22	
12	アネキシン A3	NP_005130, NM_005139	23	24	
13	PTK9L タンパク質チロシンキナーゼ 9 様	NP_009215, NM_007284	25	26	
14	スプライシング因子,アルギニン/セリンリッチ 1	NP_008855, NM_006924	27	28	
15	チオ硫酸スルフルトランスフェラーゼ	NP_003303, NM_003312	29	30	
16	S-アデノシルホモシスティンヒドロラーゼ	NP_000678, NM_000687	31	32	
17	GDP-マンノース 4,6-デヒドラターゼ	NP_001491, NM_001500	33	34	
18	ヒドロキシアシルデヒドロゲナーゼ, サブユニット A	NP_000173, NM_000182	35	36	
19	プロリル-4-ヒドロキシラーゼ β サブユニット	NP_000909, NM_000918	37	38	
20	ペルオキシレドキシン 5	NP_036226, NM_012094	39	40	
21	プログステロン受容体膜コンポーネント2	NM_006320	41	42	K35-1-1
22	MAP キナーゼ結合セリン/トレオニン キナーゼ2	NM_199054	43	44	K30-1-1
23	EST: 601191782F1	BE264462	45		12N3-1
24	EST: 602301679F1	BG032310	46		12O1-1

25	付加的性擲類似1	NM_015338	47	48	14A1-1-1
26	フォークヘッドボックス A1	NM_004496	49	50	18G3-1
27	レチノイン酸誘導 16	NM_022749	51	52	19C1-1
28	リケン cDNA 5730528L13 類似遺伝子	NM_080655	53	54	19F1-1
29	リシン tRNA 合成酵素	BC004132	55	56	19F1-2
30	EST: AGENCOURT_15657942	CF597227	57		6BD3-1
31	KDEL 小胞体タンパク質保持受容体1	NM_006801	58	59	14H1-2-1
32	リンソーム結合タンパク質膜貫通4ベータ	NM_018407	60	61	18B2-1
33	タンパク質ホスファターゼ1, 触媒サブユニット、α アイソフォーム	NM_002708	62	63	18G1-1
34	ペルオキシレドキシン3	NM_006793	64	65	20J4-1
35	アルドケトレダクターゼファミリー1, メンバーC3	NM_003739	66	67	19M2
36	ユビキチン結合酵素 E2I	BC000744	68	69	10Q3-1
37	ホスファチジン酸ホスファターゼ、タイプ 2C	NM_003712	70	71	14A1-1-2
38	ベータカテニン相互作用タンパク質1	NM_020248	72	73	14B1-2-1
39	ソーティングネキシン15	NM_147777	74	75	14H2-1-1

【0025】

なお、本発明において、「ポリペプチド」とは、アミド結合（ペプチド結合）によって互いに結合した複数個のアミノ酸残基から構成された分子を意味し、タンパク質及びペプチドを含む。「ポリヌクレオチド」とは、プリン又はピリミジンが糖にβ-N-グリコシド結合したヌクレオシドのリン酸エステル（ATP、GTP、CTP、UTP；又はdATP、dTTP、dCTP、dTTP）が結合した分子をいう。

【0026】

また、表1にそれぞれ示した塩基配列及びアミノ酸配列については、1若しくは数個の塩基の付加、欠失、他の塩基への置換、あるいはこれらの塩基変異に基づく1若しくは数個のアミノ酸残基の付加、欠失及び他のアミノ酸への置換をも包含する。

【0027】

さらに、「血清中抗体」とは、固体癌患者の血清中に存在し、固体癌抗原ポリペプチドと結合する抗体 IgG を意味する。また、「抗体」は、固体癌抗原ポリペプチド又はその部分断片を免疫原として作製されたポリクローナル抗体又はモノクローナル抗体を意味する。

【0028】

本発明におけるその他の用語や概念は、発明の実施形態の説明や実施例において詳しく規定する。また本発明を実施するために使用する様々な技術は、特にその出典を明示した技術を除いては、公知の文献等に基づいて当業者であれば容易かつ確実に実施可能である。例えば、本発明に係る医薬を調製するための薬剤の調製はRemington's Pharmaceutical Sciences, 18th Edition, ed. A. Gennaro, Mack Publishing Co., Easton, PA, 1990に、遺伝子工学及び分子生物学的技術はSambrook and Maniatis, Molecular Cloning-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1989; Ausubel, F. M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York, N.Y., 1995等に記載されている。

【0029】

固体癌抗原ポリペプチドとは、表1に示した39種の遺伝子又はEST (Expressed Sequence Tag) が発現するポリペプチドである。これらの遺伝子産物については様々な機能が知られているが、固体癌における特異的発現は知られていない。なお、本発明においては、ESTの発現産物は「配列番号45、46又は57に示した塩基配列からなるポリヌ

クレオチドがコードするポリペプチド」と定義する。

【0030】

なお、実施例に示したように、配列番号1～40に示した遺伝子及びペプチドは二次元電気泳動法によって、配列番号41～75の遺伝子、EST及びペプチドはSEREX法によって特定されたものである。

【0031】

2. 固形癌診断キット

上述の通り、表1に示す固形癌抗原ポリペプチドは、ヒト固形癌において特異的に発現する。従って、被験者由来のサンプルにおいてこの固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することによって、被験者をヒト固形癌について診断することが可能となる。

【0032】

本発明に係る固形癌診断キット（以下、「本固形癌診断キット」ともいう）は、被験者に由来するサンプル中の1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含むものである。

【0033】

本固形癌診断キットは、固形癌の診断を行うための試薬キットである。このようなキットは、被検成分の種類に応じて各種のものが市販されており、本固形癌診断キットも、ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段（固形癌抗原ポリペプチド、抗体、プライマー、プローブなど）を用いることを除き、公知公用のキットに用いられている各要素によって構成することができる。

【0034】

また、本固形癌診断キットにより、固形癌、例えば限定するものではないが、大腸癌、食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等について被験者を診断することができる。好ましくは、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌の診断のために用いることができる。

【0035】

ここで固形癌抗原ポリペプチドの発現、タンパク質発現、及びその抗体発現、並びにその遺伝子の発現を検出する手段としては、

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

(2) 固形癌抗原ポリペプチド

(3) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドに基づいて設計されたプローブ又はプライマー

が挙げられる。以下、これらの手段について詳述する。

【0036】

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、癌において発現された固形癌抗原ポリペプチドと結合することができるため、該抗体を用いてサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドとの反応を検出することによって、該サンプルが癌患者又はハイリスク者に由来するか否かを診断することができる。

【0037】

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、ポリクローナル抗体又はモノクローナル抗体であり、それぞれ固形癌抗原ポリペプチドのエピトープに結合することができる全体分子、及びFab、F(ab')₂、Fv断片等が全て含まれる。このような抗体は、例えばポリクローナル抗体の場合には、抗原ポリペプチドやその一部断片を免疫原として動物を免役した後、血清から得ることができる。あるいは、上記の真核細胞用発現ベクターを注射や遺伝子銃によって、動物の筋肉や皮膚に導入した後、血清を採取することによって作製することができる。動物としては、マウス、ラット、ウサギ、ヤギ、ニワトリなどが用いられる。

【0038】

また、モノクローナル抗体は、公知のモノクローナル抗体作製法（「単クローン抗体」

、長宗香明、寺田弘共著、廣川書店、1990年；"Monoclonal Antibody" James W. Godding, third edition, Academic Press, 1996)に従い作製することができる。

【0039】

また固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体には、標識物質によって標識化された抗体も含まれる。そのような標識化抗体の詳細については、上記を参照されたい。

【0040】

固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体を用いて被験者由来のサンプル中の固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出し、ヒト固体癌を診断する場合には、被験者のサンプル中に、固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体又はその標識化抗体と結合する抗原ポリペプチドが存在するか否かを試験し、サンプル中にその抗原ポリペプチドが存在する被験者を固体癌患者又はそのハイリスク者と判定する。すなわち、ここで使用する抗体又は標識化抗体は、固体癌細胞で発現している抗原ポリペプチドと特異的に結合する抗体であるから、この抗体と結合する抗原ポリペプチドを含むサンプルを、固体癌患者又はそのハイリスク患者の試料として判定することができる。なおその際に、好ましくは2種類以上、好ましくは5種類以上、さらに好ましくは10種類以上、最も好ましくは15—39種類の抗体についてサンプル中の抗原ポリペプチドとの結合を判定する。また、サンプルとしては、固体癌抗原ポリペプチドが発現されるサンプルであれば特に限定されるものではなく、血液や血液細胞(単核球等)、組織を対象とすることができる。

【0041】

また別の態様は、抗体と抗原ポリペプチドとの結合を液相系において行う方法である。例えば、標識化抗体とサンプルとを接触させて標識化抗体と抗原ポリペプチドを結合させ、この結合体を上記と同様の方法で分離し、標識シグナルを同様の方法で検出する。

【0042】

液相系での診断の別 の方法は、固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体(一次抗体)とサンプルとを接触させて一次抗体と抗原ポリペプチドを結合させ、この結合体に標識化抗体(二次抗体)を結合させ、この三者の結合体における標識シグナルを検出する。あるいは、さらにシグナルを増強させるためには、非標識の二次抗体を先ず抗体+抗原ポリペプチド結合体に結合させ、この二次抗体に標識物質を結合させるようにしてもよい。このような二次抗体への標識物質の結合は、例えば二次抗体をビオチン化し、標識物質をアビジン化しておくことによって行うことができる。あるいは、二次抗体の一部領域(例えば、Fc領域)を認識する抗体(三次抗体)を標識し、この三次抗体を二次抗体に結合させるようにしてもよい。なお、一次抗体と二次抗体は、両方ともモノクローナル抗体を用いることもでき、あるいは、一次抗体と二次抗体のいずれか一方をポリクローナル抗体とすることもできる。液相からの結合体の分離やシグナルの検出は上記と同様とすることができる。

【0043】

また別の態様は、抗体と抗原ポリペプチドとの結合を固相系において試験する方法である。この固相系における方法は、極微量の抗原ポリペプチド検出と操作の簡便化のため好ましい方法である。すなわちこの固相系の方法は、固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体(一次抗体)を固相(樹脂プレート、メンブレン、ビーズ等)に固定化し、この固定化抗体に抗原ポリペプチドを結合させ、非結合ペプチドを洗浄除去した後、プレート上に残った抗体+抗原ポリペプチド結合体に標識化抗体(二次抗体)を結合させ、この二次抗体のシグナルを検出する方法である。この方法は、いわゆる「サンドイッチ法」と呼ばれる方法であり、マーカーとして酵素を用いる場合には、「ELISA(enzyme linked immunosorbent assay)」として広く用いられている方法である。一次抗体と二次抗体は、両方ともモノクローナル抗体を用いることもでき、あるいは、一次抗体と二次抗体のいずれか一方をポリクローナル抗体とすることもできる。シグナルの検出は上記と同様とすることができる。

【0044】

(2) 固体癌抗原ポリペプチド

固体癌抗原ポリペプチドは、癌細胞が発現するポリペプチドであるため、癌を有する患者の血清中には、発現された固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体（血清中抗体）が存在する。従って、固体癌抗原ポリペプチドを使用して血清中抗体との反応を調べることによって、被験者における固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出することができる。この固体癌抗原ポリペプチドとしては、表1に示す抗原ポリペプチド又はその部分ペプチドを用いることができる。本明細書中、「抗原ポリペプチド」には、表1に示す抗原ポリペプチドのほか、表1に示す抗原ポリペプチドのうち少なくとも6個以上のアミノ酸、好ましくは6～500、より好ましくは8～50アミノ酸からなる部分ペプチドも含まれる。

【0045】

これらの抗原ポリペプチドは、例えば、表1に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドを含む組換え発現ベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行うことによりインビトロでペプチドを発現させることにより調製することができる。また組換え発現ベクターを大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞に導入して形質転換細胞を作製すれば、この形質転換細胞からポリペプチドを発現させることができる。

【0046】

抗原ポリペプチドをインビトロ翻訳で発現させる場合には、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに挿入して組換え発現ベクターを作製し、このベクターを、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含むウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加すれば、抗原ポリペプチドをインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBlue script IIなどが例示できる。

【0047】

抗原ポリペプチドを、大腸菌などの微生物で発現させる場合には、微生物中で複製可能な複製起点、プロモーター、リボソーム結合部位、DNAクローニング部位、ターミネーター等を有するベクターにポリヌクレオチドを連結した発現ベクターを作製し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養すれば、そのポリヌクレオチドがコードしている抗原ポリペプチドを微生物から発現させることができる。この際、他のタンパク質との融合タンパク質として発現させることもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBlue script II、pET発現系、pGEX発現系などが例示できる。

【0048】

抗原ポリペプチドを、真核細胞で発現させる場合には、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに挿入して組換えベクターを作製し、真核細胞内に導入すれば、抗原ポリペプチドを形質転換真核細胞で発現させることができる。発現ベクターとしては、pKA1、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pCDNA3、pMSG、pYES2などが例示できる。また、pIND/V5-His、pFLAG-CMV-2、pEGFP-N1、pEGFP-C1などを発現ベクターとして用いれば、Hisタグ、FLAGタグ、mycタグ、HAタグ、GFPなど各種タグを付加した融合タンパク質として抗原ポリペプチドを発現させることもできる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、抗原ポリペプチドを発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0049】

抗原ポリペプチドを原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的の抗原ポリペプチドを単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせて行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティーコロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどが挙げられる。

【0050】

なお、以上のようにして得られる組換え抗原ポリペプチドには、他の任意のタンパク質との融合タンパク質も含まれる。例えば、グルタチオン-S-トランスフェラーゼ(GST)や緑色蛍光蛋白質(GFP)との融合蛋白質などが例示できる。さらに、形質転換細胞で発現されたペプチドは、翻訳された後、細胞内で各種修飾を受ける場合がある。したがって、修飾されたペプチドも抗原ポリペプチドとして用いることができる。このような翻訳後修飾としては、N末端メチオニンの脱離、N末端アセチル化、糖鎖付加、細胞内プロテアーゼによる限定分解、ミリストイル化、イソブレニル化、リン酸化などが例示できる。

【0051】

固体癌抗原ポリペプチドを用いて、被験者由来のサンプルにおける固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するためには、被験者のサンプル(血清)中に、固体癌抗原ポリペプチドと結合する血清中抗体が1種類以上存在するか否かを試験する。そして血清中にその抗体が存在する被験者を固体癌患者又は固体癌ハイリスク者と判定する。すなわち、固体癌抗原ポリペプチドは、固体癌患者に由来する血清中抗体(IgG)と結合するポリペプチドであるから、被験者の血清と反応させた結果、サンプルがこれらの抗原ポリペプチドと結合する血清中抗体を含む場合には、固体癌患者又はそのハイリスク患者のサンプルとして判定することができる。なおその際に、2種類以上、好ましくは5種類以上、さらに好ましくは10種類以上、最も好ましくは15～39種類の抗原ポリペプチドについて抗体との結合を判定する。またさらに、すでに知られている他の固体癌マーカー(例えは、CEA、Cytfra、SCC-Agなど)を併用することもできる。また、サンプルとしては、血清中抗体が含まれるサンプル、すなわち血清を対象とすることができる。

【0052】

本固体癌診断キットを用いた具体的な診断は、例えは固体癌診断キットに含まれる固体癌抗原ポリペプチドに被験者血清を接触させ、該固体癌抗原ポリペプチドと被験者血清中のIgG抗体とを液相中において反応させることにより行う。さらに血清中のIgG抗体と特異的に結合する標識化IgG抗体を反応させて、標識化IgG抗体のシグナルを検出すればよい。標識化抗体に使用する標識としては、酵素、放射性同位体又は蛍光色素を使用することができる。酵素は、代謝回転数が大きいこと、抗体と結合させても安定であること、基質を特異的に着色させる等の条件を満たすものであれば特段の制限はなく、通常の酵素免疫アッセイ(EIA)に用いられる酵素、例えは、ペルオキシダーゼ、β-ガラクトシダーゼ、アルカリリフォスファターゼ、グルコースオキシダーゼ、アセチルコリンエステラーゼ、グルコース-6-リン酸化脱水素酵素、リノゴ酸脱水素酵素等を用いることもできる。また、酵素阻害物質や補酵素等を用いることもできる。これら酵素と抗体との結合は、マレイミド化合物等の架橋剤を用いる公知の方法によって行うことができる。基質としては、使用する酵素の種類に応じて公知の物質を使用することができる。例えは酵素としてペルオキシダーゼを使用する場合には、3, 3', 5, 5'-テトラメチルベンジシンを、また酵素としてアルカリリフォスファターゼを用いる場合には、パラニトロフェノール等を用いることができる。

【0053】

酵素を用いる場合には、酵素作用によって分解して発色する基質を加え、基質の分解量を光学的に測定することによって酵素活性を求め、これを結合抗体量に換算し、標準値との比較から抗体量が算出される。

【0054】

放射性同位体としては、¹²⁵I や³H 等の通常のラジオイムノアッセイ (RIA) で用いられているものを使用することができる。放射性同位体を用いる場合には、放射性同位体の発する放射線量をシンチレーションカウンター等により測定する。

【0055】

蛍光色素としては、フルオレッセンスイソチオシアネート (FITC) やテトラメチルローダミンイソチオシアネート (TRITC) 等の通常の蛍光抗体法に用いられるものを使用することができる。蛍光色素を用いる場合には、蛍光顕微鏡を組み合わせた測定装置によって蛍光量を測定すればよい。

【0056】

さらにまた、標識化抗体には、マンガンや鉄等の金属を結合させたものも含まれる。このような金属結合抗体を体内に投与し、MRI 等によって金属を測定することによって、血清中抗体の存在、すなわち固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することができる。

【0057】

シグナルの検出は、例えば、ウエスタンプロット分析を採用することができる。あるいは、抗原ポリペプチド十血清中抗体十標識化 IgG 抗体の結合体を、公知の分離手段 (クロマト法、塩析法、アルコール沈殿法、酵素法、固相法等) によって分離し、標識化 IgG 抗体のシグナルを検出するようにしてもよい。

【0058】

また、抗原ポリペプチドの 1 種類以上を固相 (プレート、メンブレン、ビーズ等) 上に固定化し、この固相上において被験者血清の抗体との結合を試験することもできる。抗原ポリペプチドを固相上に固定化することによって、未結合の標識化結合分子を容易に除去することができる。また特に、数十種類の抗原ポリペプチドを固定化したメンブレンを用いるプロテインアレイ法では、0.01 ml 程度の被験者血清を用いて多種類の抗体の発現を短時間で解析することができる。

【0059】

(3) プライマー又はプローブ

本固形癌診断用キットは、表 1 に示す固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列を含むプライマー又はプローブを含むものであってもよい。該プライマー又はプローブは、被験者由来のサンプル中に発現している抗原ポリペプチドの mRNA 又は mRNA から合成した cDNA と特異的に結合して、サンプル中の抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の発現、すなわち抗原ポリペプチドの発現を検出することが可能である。

【0060】

プライマー及びプローブは、当業者に公知の手法に従って、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 の各塩基配列に基づき設計することができる。プライマー及びプローブ設計の留意点として、例えば以下を指摘することができる。

【0061】

プライマーとして実質的な機能を有する長さとしては、10 塩基以上が好ましく、さらに好ましくは 16 ~ 50 塩基であり、さらに好ましくは 20 ~ 30 塩基である。またプローブとして実質的な機能を有する長さとしては、10 塩基以上が好ましく、さらに好ましくは 16 ~ 50 塩基であり、さらに好ましくは 20 ~ 30 塩基である。

【0062】

また設計の際には、プライマー又はプローブの融解温度 (Tm) を確認することが好ましい。Tm とは、任意のポリヌクレオチド鎖の 50 % がその相補鎖とハイブリッドを形成する温度を意味し、錆型 DNA 又は RNA とプライマー又はプローブとが二本鎖を形成してアニーリング又はハイブリダイズするためには、アニーリング又はハイブリダイゼーションの温度を最適化する必要がある。一方、この温度を下げすぎると非特異的な反応が起

こるため、温度は可能な限り高いことが望ましい。従って、設計しようとするプライマー又はプローブのTmは、増幅反応又はハイブリダイゼーションを行う上で重要な因子である。Tmの確認には、公知のプライマー又はプローブ設計用ソフトウェアを利用することができます、本発明で利用可能なソフトウェアとしては、例えばOligo TM [National Bioscience Inc. (米国) 製]、GENETYX [ソフトウェア開発(株)(日本) 製]等などが挙げられる。またTmの確認は、ソフトウェアを使わず、自ら計算することによっても行うことができる。その場合には、最近接塩基対法(Nearest Neighbor Method)、Wallance法、GC%法等に基づく計算式を利用することができます。本発明では、平均Tmが約45～55°Cであることが好ましい。

【0063】

プライマー又はプローブとして特異的なアニーリング又はハイブリダイズが可能な条件としては、その他にもGC含量などがあり、そのような条件は当業者に周知である。

【0064】

上述のように設計したプライマー及びプローブは、当業者に公知の方法に従って調製することができる。さらに、当業者には周知のように、プライマー又はプローブには、アニーリング又はハイブリダイズする部分以外の配列、例えばタグ配列などの付加配列が含まれていてもよく、上述したプライマー又はプローブにそのような付加配列が付加されたものも本発明の範囲内に含まれるものとする。

【0065】

被験者由来のサンプルにおける固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出するためには、上記プライマー及び／又はプローブをそれぞれ増幅反応又はハイブリダイゼーション反応において用い、その増幅産物又はハイブリッド産物を検出する。

【0066】

サンプルとしては、便や血液、血液細胞(单核球等)を対象とすることができます。また増幅反応又はハイブリダイゼーション反応を行う場合には、通常は、被験者由来のサンプルから被検核酸を調製する。被検核酸は、核酸であればDNA又はRNAのいずれでもよい。DNA又はRNAは、当技術分野で周知の方法を適宜使用して抽出することができます。例えば、DNAを抽出する場合には、フェノール抽出及びエタノール沈殿を行なう方法、ガラスビーズを用いる方法など、またRNAを抽出する場合には、グアニジン一塩化セシウム超遠心法、ホットフェノール法、又はチオシアン酸グアジニウムフェノールクロロホルム(AGPC)法などを利用することができます。以上のように調製したサンプル又は被検核酸を用いて、以下に示す増幅反応及び／又はハイブリダイゼーション反応を行う。

【0067】

プライマーを用いて被検核酸を錆型とした増幅反応を行い、その特異的増幅反応を検出することにより、サンプル中の固体癌抗原ポリペプチドの発現の検出を行うことができる。

【0068】

増幅手法としては、特に限定されないが、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)法の原理を利用した公知の方法を挙げることができる。例えば、PCR法、LAMP(Loop-mediated isothermal AMPlification)法、ICAN(Isothermal and Chimeric primer-initiated Amplification of Nucleic acids)法、RCA(Rolling Circle Amplification)法、LCR(Ligase Chain Reaction)法、SDA(Strand Displacement Amplification)法等を挙げることができる。増幅は、増幅産物が検出可能なレベルになるまで行う。

【0069】

例えば、PCR法は、被検核酸であるDNAを錆型として、DNAポリメラーゼにより、一対のプライマー間の塩基配列を合成するものである。PCR法によれば、変性、アニーリング及び合成からなるサイクルを繰り返すことによって、増幅断片を指数関数的に増幅させることができる。PCRの最適条件は、当業者であれば容易に決定することができる。

【0070】

またRT-PCR法では、まず、被検核酸であるRNAを錆型として、逆転写酵素反応によりcDNAを作製し、その後、作製したcDNAを錆型として一対のプライマーを用いてPCR法を行うものである。

【0071】

なお、増幅手法として競合PCR法やリアルタイムPCR法等の定量的PCR法などを採用することにより、定量的な検出が可能となる。

【0072】

上記増幅反応後に特異的な増幅反応が起こったか否かを検出するには、増幅反応により得られる増幅産物を特異的に認識することができる公知の手段を用いることができる。例えば、アガロースゲル電気泳動法等を利用して、特定のサイズの増幅断片が増幅されているか否かを確認することにより、特異的な増幅反応を検出することができる。

【0073】

あるいは、増幅反応の過程で取り込まれるdNTPに、放射性同位体、蛍光物質、発光物質などの標識体を作用させ、この標識体を検出することができる。放射性同位体としては、 ^{32}P 、 ^{125}I 、 ^{35}S などを用いることができる。また蛍光物質としては、例えば、フルオレセン(FITC)、スルホローダミン(SR)、テトラメチルローダミン(TRITC)などを用いることができる。また発光物質としてはルシフェリンなどを用いることができる。

【0074】

これら標識体の種類や標識体の導入方法等に関しては、特に制限されることではなく、従来公知の各種手段を用いることができる。例えば標識体の導入方法としては、放射性同位体を用いるランダムプライム法が挙げられる。

【0075】

標識したdNTPを取り込んだ増幅産物を観察する方法としては、上述した標識体を検出するための当技術分野で公知の方法であればいずれの方法でもよい。例えば、標識体として放射性同位体を用いた場合には、放射活性を、例えば液体シンチレーションカウンター、 γ -カウンターなどにより計測することができる。また標識体として蛍光を用いた場合には、その蛍光を蛍光顕微鏡、蛍光プレートリーダーなどを用いて検出することができる。

【0076】

以上のようにして特異的な増幅反応が検出された場合には、サンプル中に固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子が発現している、すなわち固体癌抗原ポリペプチドが発現していることとなる。従って、サンプル中に抗原ポリペプチドが発現している被験者を固体癌患者又はハイリスク者と診断する。

【0077】

また、プローブを用いてサンプル又は被検核酸に対するハイブリダイゼーション反応を行い、その特異的結合(ハイブリッド)を検出することにより、固体癌抗原ポリペプチドの発現を検出することもできる。

【0078】

ハイブリダイゼーション反応は、プローブが固体癌抗原ポリペプチドに由来するポリヌクレオチドのみと特異的に結合するような条件、すなわちストリンジエントな条件下で行う必要がある。そのようなストリンジエントな条件は当技術分野で周知であり、特に限定されない。ストリンジエントな条件としては、例えばナトリウム濃度が、10～300mM、好ましくは20～100mMであり、温度が25～70°C、好ましくは42～55°Cにおける条件が挙げられる。

【0079】

ハイブリダイゼーションを行う場合には、プローブに蛍光標識(フルオレセイン、ローダミンなど)、放射性標識(^{32}P など)、酵素標識(アルカリホスファターゼ、西洋ワサビパーオキシダーゼ等)、ビオチン標識等の適当な標識を付加することができる。従って

、本固体癌診断用キットには、上記のような標識を付加したプローブも含まれる。

【0080】

標識化プローブを用いた検出は、サンプル又はそれから調製した被検核酸とプローブとをハイブリダイズ可能なように接触させることを含む。「ハイブリダイズ可能なように」とは、上述したストリンジエントな条件下にて特異的な結合が起こる環境（温度、塩濃度）において、ということである。具体的には、サンプル又は被検核酸をスライドグラス、メンプラン、マイクロタイヤープレート等の適当な固相に固定化し、標識を付加したプローブを添加することにより、プローブとサンプル又は被検核酸とを接触させてハイブリダイゼーション反応を行い、ハイブリダイズしなかったプローブを除去した後、サンプル又は被検核酸とハイブリダイズしているプローブの標識を検出する。標識が検出された場合には、サンプル中に固体癌抗原ポリペプチドが発現していることとなる。従って、サンプル中に抗原ポリペプチドが発現している被験者を固体癌患者又はハイリスク者と診断する。

【0081】

また、標識の濃度を指標とすることにより、定量的な検出も可能となる。標識化プローブを用いた検出方法の例としては、サザンハイブリダイゼーション法、ノーザンハイブリダイゼーション法、FISH（蛍光 in situ ハイブリダイゼーション）法等を挙げることができる。

【0082】

また、本固体癌診断キットを用いて診断を行う場合には、被験者に由来するサンプル中の固体癌抗原ポリペプチドの発現量を測定し、1種以上の固体癌抗原ポリペプチドの発現が健常者のそれらと比較して多い被験者を固体癌患者又はそのハイリスク者と判定する。具体的な判定基準としては、被験者の固体癌抗原ポリペプチド発現量が健常者のそれと比較して、10%以上、好ましくは30%以上、さらに好ましくは70%以上、最も好ましくは100%以上である場合である。

【0083】

3. 固体癌の予防又は治療用医薬

3. 1. 固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現抑制

固体癌抗原ポリペプチドは、固体癌において特異的に発現するものであるため、その発現が細胞の癌化の原因となっている可能性が高い。そのため、固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制すれば、細胞の癌化やその進行に対する治療効果が期待される。

【0084】

従って、上記の1種以上のヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能及び発現を抑制するための手段は、固体癌の予防及び／又は治療用医薬として有効である。

【0085】

かかるヒト固体癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段としては、
(1) 固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体
(2) 固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段
(3) 固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段
が挙げられる。

【0086】

(1) 固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、被験者における固体癌抗原ポリペプチドと特異的に結合することにより、該抗原ポリペプチドの活性を抑制することができる。従って、固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体を含む医薬は、固体癌の治療又は予防に有効である。

【0087】

(2) 固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段

固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制する手段としては、対象となる被験者における当該遺伝子の転写プロモーター領域を転写抑制型プロモーターと置換す

るために用いることが可能な発現ベクターが挙げられる。また、固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制する手段としては、当該遺伝子の転写に関わる領域に転写抑制活性のある塩基配列を挿入するための発現ベクターを用いてもよい。上記のような発現ベクターの設計及び調製は当業者には周知である。

【0088】

(3) 固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段

また、固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制する手段としては、いわゆるアンチセンスRNAを用いる方法が挙げられる。すなわち、当該遺伝子のmRNAに対するアンチセンスRNAを転写する遺伝子を、プラスミドとして導入するか又は被験者のゲノムに組み込み、当該アンチセンスRNAを過剰発現させることで、固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子のmRNAの翻訳が抑制される。アンチセンスRNAに関する技術は、例えば哺乳動物を宿主とした場合でも知られている(Han et al. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88, 4313-4317; Hackett et al. (2000) Plant Physiol., 124, 1079-86)。

【0089】

また、固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制するために、RNA干渉(RNA interference)を利用することも可能である。具体的には、標的とする固体癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の塩基配列に相補的な二本鎖RNAを細胞内に導入すると、固体癌抗原ポリペプチドをコードする内在性遺伝子のmRNAが分解されて、結果としてその細胞での遺伝子発現が特異的に抑制されることとなる。この手法は、哺乳動物細胞などにおいても確認されている(Hannon, G.J., Nature (2002) 418, 244-251 (review); 特表2002-516062号公報; 特表平8-506734号公報)。

【0090】

3. 2. 固体癌に対するターゲティング

固体癌抗原ポリペプチドは、固体癌において特異的に発現するものであるため、この特異的発現を利用して固体癌にターゲティングする手段を用いることによって、固体癌治療薬を癌部位で有効に作用させることができる。

【0091】

従って、上記の固体癌にターゲティングする手段もまた、固体癌の予防及び／又は治療用医薬として有効であり、本発明に係る固体癌の予防又は治療用医薬は、固体癌治療薬又は固体癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固体癌にターゲティングする手段とを含むものである。

【0092】

かかるヒト固体癌にターゲティングする手段としては、

(1) 固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体

(2) 固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列が挙げられる。

【0093】

(1) 固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固体癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、癌細胞で特異的に発現する抗原ポリペプチドに結合するため、この抗体に公知の固体癌治療薬(例えば抗癌剤や免疫増強剤)を結合させて患者体内に投与することによって、固体癌治療薬を癌細胞特異的に作用させることができる。

【0094】

(2) 固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列

固体癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域(以下、「プロモーター配列」と記載する)は、固体癌細胞で特異的に発現する遺伝子の発現制御領域であるため、このプロモーター配列に固体癌治療薬をコードするポリヌクレオチドを連結して治療用遺伝子を作製し、これを体内に投与すれば、治療用遺伝子を癌細胞特異的に発現

させることが可能となる。抗癌作用を有する物質又は抗癌作用を有する物質の前駆物質をコードするポリヌクレオチドとしては、例えばp53、単純ヘルペスウイルスチミジンキナーゼ、インターロイキン-2、-12、-17、-18、シトシンデアミナーゼ、ウラシルホスホリボシルトランスフェラーゼ等をコードする遺伝子DNAやそのcDNA等を利用することができます。また、このプロモーター配列は、アデノウイルスやヘルペスウイルスを癌細胞特異的に増殖させて癌細胞を融解させる治療法に使用することもできる。すなわち、例えばアデノウイルスのE1A領域の前にプロモーター配列を挿入することによって、このアデノウイルスは癌細胞においてのみ特異的に増殖し、癌細胞を融解させる。

【0095】

3.3. 医薬の適用対象及び投与

本発明の医薬の適用対象となる固形癌は、大腸癌、食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等が挙げられ、特に限定はされないが、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌である。

【0096】

本発明の医薬は、上記固形癌の発症を予防することを目的として、あるいは上記固形癌患者又は固形癌のリスクが高いと診断された患者に対しては症状の悪化の防止又は症状の軽減などを目的として投与することができる。

【0097】

上記の手段を固形癌の治療及び／又は予防のための医薬として用いる場合には、薬学的に許容され得る担体と配合して医薬組成物として用いることもできる。このときの有効成分の担体に対する割合は、1～90%の間で適宜調整すればよい。

【0098】

本発明の医薬の投与形態としては、通常の静脈内、動脈内等の全身投与のほか、癌原病巣に対して又は癌腫に対応した予想転移部位に対して局所注射等の局所投与を行うことが好ましい。

【0099】

本発明の医薬の投与量は、年齢、性別、症状、投与経路、投与回数、剤形によって異なり、これらは当業者又は医師が適宜調整すればよい。

【実施例】

【0100】

以下、実施例を用いて本方法をより詳細に説明するが、本発明の技術的範囲はこれら実施例に限定されるものではない。

【0101】

〔実施例1〕二次元電気泳動による大腸癌抗原ポリペプチドの同定

【1】材料と方法

患者（6例）の了解のもと、大腸癌摘出直後の癌部及び非癌部組織のそれぞれから凍結標本を採取し、-80°Cに保存した。この凍結標本の適量を9.5M Urea、2% CHAPS、1% DTT、プロテアーゼインヒビターコンプリート（ロッシュ）溶液中でホモジエナライズした後、超高速遠心器（日立）で100,000gにて遠心し、上清（タンパク質溶液）を抽出し、吸光度によりタンパク質濃度を同定した。

【0102】

癌部及び非癌部組織から得られたタンパク質それぞれ400μgを一次元目はアガロース等電点電気泳動で、二次元目は12%又は6～10%Tri s/Glycine SDSポリアクリルアミドゲル電気泳動で分離した。分離されたタンパク質をクーマシープリリアントブルーR250で染色し、非癌部組織に比較して癌部組織で発現量が増大しているスポットを検出した。このスポットからゲルを切り出し、ゲル中に含まれているタンパク質をトリプシン（ロッシュ）により消化し、得られたペプチドを回収し、イオントラップ型質量分析器（サーモクエスト社LCQ DECA XP）によりアミノ酸配列を決定した。

【0103】

【2】結果

結果を図1A及びBに示す。6例の大腸癌患者の癌組織(tumor)及び正常組織(Normal)を比較したところ、6例中4例以上の癌組織において、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38及び40に示されるアミノ酸配列を有するタンパク質の特異的発現が確認された。図1A及びB中、丸で囲んだタンパク質を示している番号は、表1の1～20の各抗原ポリペプチドに対応する。

【0104】

これらのタンパク質をコードする塩基配列は、それぞれ配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37及び39に示され、それぞれの遺伝子は表1に示したとおりである。

【0105】

(実施例2) SEREX法による固体癌抗原ポリペプチドの特定

【1】cDNAライブラリーの作製

ヒト食道癌由来の細胞株T.Tnを、カナマイシン(100μg/ml)を添加した10%のウシ胎児血清を含むDMEM培地で培養した。これらの培養細胞からグアニジウムチオシアネートフェノールクロロホルム抽出法によりトータルRNA(250μg)を単離し、oligo-dT(Oligotex-dT30 super, TAKARA社)を用いたポリ(A)セレクションを2回行い、mRNAを精製した。この得られたmRNA(5.7μg)を用いて各細胞のcDNAライブラリーを構築した。一本鎖cDNAは、XhoIリソマーライマーと5-メチルdCTPを用いて合成した。この一本鎖cDNAからT4DNAポリメラーゼにより平滑末端を有する二本鎖cDNAを合成し、この二本鎖cDNAの両端に制限酵素サイト(EcoRI/λZAP II)を含むリソマーラーを付加した。cDNAフラグメントをバクテリオファージ(Stratagene社)に挿入し、それらの癌細胞について、約 1.8×10^6 個のクローニングからなるcDNAライブラリーを作製した。

【0106】

【2】cDNAライブラリーのスクリーニング

上記で作製した各癌細胞のcDNAライブラリーの各ファージベクターを大腸菌XL1-Blueに感染させ、NZYアガロースプレート上でブラークを形成させた。各感染大腸菌に対して、10mMのIPTG処理により発現誘導し、各cDNAがコードするペプチドを発現させた。このペプチドをニトロセルロース膜(NitroBind: Osmonics社)に転写し、TBS[0.5%のTween20を含むTBS(10mMのTris-HCl、150mMのNaCl; pH7.5)]で膜を洗浄して吸着したバクテリオファージを除去した後、1%のアルブミンを含むTBS-Tweenにて非特異反応を抑制した。このフィルターを食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者血清と室温でそれぞれ2時間反応させた。

【0107】

血清は、患者から単離した後、-80°Cで保存し、使用直前に1重量%のアルブミンを含むTBS-Tween(0.5%のポリオキシエチレンソルビタンモノラウレートを含むTBS-Tween)溶液で500倍に最終的に希釈したものを用いた。この希釈した血清を、大腸菌のライセートと1:5の割合で混合し、4°Cで8時間放置後、15,000回転にて20分間遠心し、上清を回収したものを用いた。また、必要に応じて無処理の血清を2000倍に希釈して用いた。

【0108】

血清と、上記の発現ペプチドをプロットしたニトロセルロース膜とを室温で10～20時間反応させて血清中の抗体が反応したポリペプチドを特定した。すなわち、二次抗体として5000倍に希釈したアルカリフォスファターゼ標識抗ヒトIgG-F(ab')2ヤギ抗体(Jackson社)を用いて反応させ、ニトロブルーテトラゾリウム(Wako社)と5-ブロモ-4-クロロ-3-インドリルホスフェート(Wako社)を用いた酵素発色反応により標識シグナルを検出し、発色反応陽性部位に一致するコロニーをアガロースプレート上から採取し、SM緩衝液(100mMのNaCl、10mMのMgSO₄、50mMの

Tri s-HC1；pH 7.5)に溶解させた。発色反応陽性コロニーが单一化するまで上記と同様の方法で、二次、三次スクリーニングを繰り返し、5名の患者の血清中の Ig Gと反応するファージクローンをスクリーニングして、陽性クローンを単離した。

【0109】

【3】新規抗原の特定

得られた陽性クローンから、PCR法によりインサートDNAを複製し、得られた産物を、Big Dye DNA Sequencing Kit (ABI社)とABI Prism (Perkin Elmer社)とを用いて配列決定した。既存データベースを用いて検索した結果、既知の癌関連遺伝子の発現産物である抗原ポリペプチドを除き、さらに複数の患者の血清中抗体と反応する19種の新規抗原ポリペプチドを特定した。この新規抗原ポリペプチドの抗体陽性率を表2に示す。

【0110】

【表2】

No.	クローン名	名称	登録番号	抗体陽性率(%)					
				食道癌 患者	早期食道 癌患者	大腸癌 患者	胃癌 患者	乳癌 患者	健常者
1	K35-1-1	プログステロン受容体膜コンポーネント2	NM_006320	10	13	0	20	0	10
2	K30-1-1	MAP キナーゼ結合セリン／トレオニンキナーゼ2	NM_199054	0	13	10	20	20	5
3	12N3-1	EST: 601191782F1	BE264462	5	0	0	0	0	0
4	12O1-1	EST: 602301679F1	BG032310	15	0	10	30	0	0
5	14A1-1-1	付加的性櫛類似1	NM_015338	15	13	10	10	0	6
6	18G3-1	フォークヘッドボックス A1	NM_004496	10	0	0	0	20	0
7	19C1-1	レチノイン酸誘導16	NM_022749	5	0	0	0	10	0
8	19F1-1	リケン cDNA 5730528L13 類似遺伝子	NM_080655	5	0	40	10	10	5
9	19F1-2	リシン tRNA 合成酵素	BC004132	0	13	20	20	20	0
10	6BD3-1	EST: AGENCOURT_15657942	CF597227	14					0
11	14H1-2-1	KDEL 小胞体タンパク質保持 受容体1	NM_006801	10					0
12	18B2-1	リソソーム結合タンパク質 膜貫通4ペータ	NM_018407	10					0
13	18G1-1	タンパク質ホスファターゼ1、触媒 サブユニット、α アイソフォーム	NM_002708	10					0
14	20J4-1	ペルオキシレドキシン3	NM_006793	14					0
15	19M2	アルドケトレダクターゼファミリー1、 メンバーカ3	NM_003739	38					0
16	10Q3-1	ユビキチン結合酵素 E21	BC000744	33					0
17	14A1-1-2	ホスファチジン酸ホスファターゼ、 タイプ2C	NM_003712	40					21
18	14B1-2-1	ペータカテニン相互作用 タンパク質1	NM_020248	33					17
19	14H2-1-1	ソーティングネキシン15	NM_147777	11					4

【0111】

これら19種の新規抗原ポリペプチドのアミノ酸をコードするポリヌクレオチド(cDNA)配列は、それぞれ配列番号41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74に示される各塩基配列を有している。また、配列番号41、43、47、49、51、53、55、58、60、62、64、66、68、70、72及び74に示される各塩基配列は、それぞれ

配列番号42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75のアミノ酸配列を有している。

【0112】

図2～20は、これら19種の新規抗原ポリペプチドと各患者血清中の抗体との結合反応を調べたウエスタンプロット分析の結果である。この図2～20において、矢印は患者血清中の抗体と特異的に反応したポリペプチドを示す。IPTG処理した大腸菌抽出液において検出され、無処理の大腸菌抽出液には検出されないことから導入したcDNA由来のポリペプチドであると確認できる。

【産業上の利用可能性】

【0113】

以上、詳細に説明したように、本発明に係る固体癌診断キットにより、固体癌を高精度で診断することができ、固体癌の早期診断に有用である。また、本発明に係る固体癌予防用又は治療用医薬により、固体癌のみを標的とする治療法を行うことが可能となる。

【図面の簡単な説明】

【0114】

【図1A】大腸癌患者の癌組織及び正常組織における抗原タンパク質の特異的発現の比較を示す図である。

【図1B】大腸癌患者の癌組織及び正常組織における抗原タンパク質の特異的発現の比較を示す図である。

【図2】配列番号41に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図3】配列番号43に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図4】配列番号45に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図5】配列番号46に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図6】配列番号47に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図7】配列番号49に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図8】配列番号51に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図9】配列番号53に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図10】配列番号55に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図11】配列番号57に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図12】配列番号58に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペ

プチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図13】配列番号60に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図14】配列番号62に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図15】配列番号64に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図16】配列番号66に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図17】配列番号68に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図18】配列番号70に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図19】配列番号72に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【図20】配列番号74に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンプロット分析の結果である。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Japan Science and Technology Agency

<120> Human solid tumor-specific proteins

<130> P04-0027

<160> 75

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 1321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (87)..(1103)

<223>

<400> 1

ggcgctgggc agtgtggagg tcgttggagt cacttccgct tcaccagctc ctgtgcctgc 60

cagtcgggtgc ccctccccgtt ccagccc atg ctc tcc gcc ctc gcc cggt cct gcc 113
Met Leu Ser Ala Leu Ala Arg Pro Ala
1 5

agc gct gct ctc cgc cgc agc ttc agc acc tcg gcc cag aac aat gct 161
Ser Ala Ala Leu Arg Arg Ser Phe Ser Thr Ser Ala Gln Asn Asn Ala
10 15 20 25

aaa gta gct gtg cta ggg gcc tct gga ggc atc ggg cag cca ctt tca 209
Lys Val Ala Val Leu Gly Ala Ser Gly Gly Ile Gly Gln Pro Leu Ser
30 35 40

ctt ctc ctg aag aac agc ccc ttg gtg agc cgc ctg acc ctc tat gat 257
Leu Leu Leu Lys Asn Ser Pro Leu Val Ser Arg Leu Thr Leu Tyr Asp
45 50 55

atc gcg cac aca ccc gga gtg gcc gca gat ctg agc cac atc gag acc 305
Ile Ala His Thr Pro Gly Val Ala Ala Asp Leu Ser His Ile Glu Thr
60 65 70

aaa gcc gct gtg aaa ggc tac ctc gga cct gaa cag ctg cct gac tgc 353
Lys Ala Ala Val Lys Gly Tyr Leu Gly Pro Glu Gln Leu Pro Asp Cys
75 80 85

ctg aaa ggt tgt gat gtg gta gtt att ccg gct gga gtc ccc aga aag 401
Leu Lys Gly Cys Asp Val Val Val Ile Pro Ala Gly Val Pro Arg Lys
90 95 100 105

cca ggc atg acc cgg gac gac ctg ttc aac acc aat gcc acg att gtg 449
Pro Gly Met Thr Arg Asp Asp Leu Phe Asn Thr Asn Ala Thr Ile Val
110 115 120

gcc acc ctg acc gct gcc tgt gcc cag cac tgc ccg gaa gcc atg atc 497
Ala Thr Leu Thr Ala Ala Cys Ala Gln His Cys Pro Glu Ala Met Ile
125 130 135

tgc gtc att gcc aat cgg gtt aat tcc acc atc ccc atc aca gca gaa 545
Cys Val Ile Ala Asn Pro Val Asn Ser Thr Ile Pro Ile Thr Ala Glu
140 145 150

gtt ttc aag aag cat gga gtg tac aac ccc aac aaa atc ttc ggc gtg 593
Val Phe Lys Lys His Gly Val Tyr Asn Pro Asn Lys Ile Phe Gly Val
155 160 165

acg acc ctg gac atc gtc aga gcc aac acc ttt gtt gca gag ctg aag 641
Thr Thr Leu Asp Ile Val Arg Ala Asn Thr Phe Val Ala Glu Leu Lys
170 175 180 185

ggc ttg gat cca gct cga gtc aac gtc cct gtc att ggt ggc cat gct 689
Gly Leu Asp Pro Ala Arg Val Asn Val Pro Val Ile Gly Gly His Ala
190 195 200

ggg aag acc atc atc ccc ctg atc tct cag tgc acc ccc aag gtc gac 737
Gly Lys Thr Ile Ile Pro Leu Ile Ser Gln Cys Thr Pro Lys Val Asp
205 210 215

ttt ccc cag gac cag ctg aca gca ctc act ggg cgg atc cag gag gcc 785
Phe Pro Gln Asp Gln Leu Thr Ala Leu Thr Gly Arg Ile Gln Glu Ala
220 225 230

ggc acg gag gtc aag gct aaa gcc gga gca ggc tct gcc acc ctc 833
Gly Thr Glu Val Val Lys Ala Lys Ala Gly Ala Gly Ser Ala Thr Leu
235 240 245

tcc atg gcg tat gcc ggc gcc cgc ttt gtc ttc tcc ctt gtc gat gca 881
Ser Met Ala Tyr Ala Gly Ala Arg Phe Val Phe Ser Leu Val Asp Ala
250 255 260 265

atg aat gga aag gaa ggt gtt gtg gaa tgt tcc ttc gtt aag tca cag 929
Met Asn Gly Lys Glu Gly Val Val Glu Cys Ser Phe Val Lys Ser Gln
270 275 280

gaa acg gaa tgt acc tac ttc tcc aca ccg ctg ctg ctt ggg aaa aag 977
Glu Thr Glu Cys Thr Tyr Phe Ser Thr Pro Leu Leu Leu Gly Lys Lys

285

290

295

ggc atc gag aag aac ctg ggc atc ggc aaa gtc tcc tct ttt gag gag	1025	
Gly Ile Glu Lys Asn Leu Gly Ile Gly Lys Val Ser Ser Phe Glu Glu		
300	305	310
aag atg atc tcg gat gcc atc ccc gag ctg aag gcc tcc atc aag aag	1073	
Lys Met Ile Ser Asp Ala Ile Pro Glu Leu Lys Ala Ser Ile Lys Lys		
315	320	325
ggg gaa gat ttc gtg aag acc ctg aag tga gccgtgtga cgggtggcca	1123	
Gly Glu Asp Phe Val Lys Thr Leu Lys		
330	335	
gtttcccaa ttatgaagg catcatgtca ctgcaaagcc gttgcagata aacttgtat	1183	
ttaatttgc ttgggtgatg attactgtat tgacatcate atgccttcca aattgtgggt	1243	
ggctctgtgg gcgcataaat aaagccgtc cttgatttta ttttcaagg tcccttctgt	1303	
aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	1321	

$\langle 210 \rangle$	2
$\langle 211 \rangle$	338
$\langle 212 \rangle$	P R T
$\langle 213 \rangle$	Homo sapiens

<400> 2

Met Leu Ser Ala Leu Ala Arg Pro Ala Ser Ala Ala Leu Arg Arg Ser
1 5 10 15

Phe Ser Thr Ser Ala Gln Asn Asn Ala Lys Val Ala Val Leu Gly Ala
20 25 30

Ser Gly Gly Ile Gly Gin Pro Leu Ser Leu Leu Leu Lys Asn Ser Pro
35 40 45

Leu Val Ser Arg Leu Thr Leu Tyr Asp Ile Ala His Thr Pro Gly Val
50 55 60

Ala Ala Asp Leu Ser His Ile Glu Thr Lys Ala Ala Val Lys Gly Tyr
65 70 75 80

Leu Gly Pro Glu Gln Leu Pro Asp Cys Leu Lys Gly Cys Asp Val Val
85 90 95

Val Ile Pro Ala Gly Val Pro Arg Lys Pro Gly Met Thr Arg Asp Asp
100 105 110

Leu Phe Asn Thr Asn Ala Thr Ile Val Ala Thr Leu Thr Ala Ala Cys
115 120 125

Ala Gln His Cys Pro Glu Ala Met Ile Cys Val Ile Ala Asn Pro Val
130 135 140

Asn Ser Thr Ile Pro Ile Thr Ala Glu Val Phe Lys Lys His Gly Val
145 150 155 160

Tyr Asn Pro Asn Lys Ile Phe Gly Val Thr Thr Leu Asp Ile Val Arg
165 170 175

Ala Asn Thr Phe Val Ala Glu Leu Lys Gly Leu Asp Pro Ala Arg Val
180 185 190

Asn Val Pro Val Ile Gly Gly His Ala Gly Lys Thr Ile Ile Pro Leu
195 200 205

Ile Ser Gln Cys Thr Pro Lys Val Asp Phe Pro Gln Asp Gln Leu Thr
210 215 220

Ala Leu Thr Gly Arg Ile Gln Glu Ala Gly Thr Glu Val Val Lys Ala
225 230 235 240

Lys Ala Gly Ala Gly Ser Ala Thr Leu Ser Met Ala Tyr Ala Gly Ala
245 250 255

Arg Phe Val Phe Ser Leu Val Asp Ala Met Asn Gly Lys Glu Gly Val
260 265 270

Val Glu Cys Ser Phe Val Lys Ser Gln Glu Thr Glu Cys Thr Tyr Phe
275 280 285

Ser Thr Pro Leu Leu Leu Gly Lys Lys Gly Ile Glu Lys Asn Leu Gly
290 295 300

Ile Gly Lys Val Ser Ser Phe Glu Glu Lys Met Ile Ser Asp Ala Ile
305 310 315 320

Pro Glu Leu Lys Ala Ser Ile Lys Lys Gly Glu Asp Phe Val Lys Thr
325 330 335

Leu Lys

<210> 3

<211> 2049

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (51)..(797)

<223>

<400> 3

gagccccaggc gagcggtccgc cgcgtggccgt gcgcctctgc gctccggccc atg gcc 56
Met Ala
1

gac ctc aac tcc ctg gag gcg gtg aaa cgc aag atc cag gcc ctg cag 104
Gly Leu Asn Ser Leu Glu Ala Val Lys Arg Lys Ile Gln Ala Leu Gln
5 10 15

cag cag gcg gac gag gcg gaa gac cgc gcg cag ggc ctg cag cgg gag 152
Gln Gln Ala Asp Glu Ala Glu Asp Arg Ala Gln Gly Leu Gln Arg Glu
20 25 30

ctg gac ggc gag cgc gag cgg cgc gag aaa gct gaa ggt gat gtg gcc 200
Leu Asp Gly Glu Arg Glu Arg Arg Glu Lys Ala Glu Gly Asp Val Ala
35 40 45 50

gcc ctc aac cga cgc atc cag ctc gtt gag gag gag ttg gac agg gct 248
Ala Leu Asn Arg Arg Ile Gln Leu Val Glu Glu Glu Leu Asp Arg Ala
55 60 65

cag gaa cga ctg gcc acg gcc ctg cag aag ctg gag gag gca gaa aaa 296

Gln Glu Arg Leu Ala Thr Ala Leu Gln Lys Leu Glu Glu Ala Glu Lys
70 75 80

gct gca gat gag agt gag aga gga atg aag gtg ata gaa aac cgg gcc 344
Ala Ala Asp Glu Ser Glu Arg Gly Met Lys Val Ile Glu Asn Arg Ala
85 90 95

atg aag gat gag gag aag atg gag att cag gag atg cag ctc aaa gag 392
Met Lys Asp Glu Glu Lys Met Glu Ile Gln Glu Met Gln Leu Lys Glu
100 105 110

gcc aag cac att gcg gaa gag gct gac cgc aaa tac gag gag gta gct 440
Ala Lys His Ile Ala Glu Glu Ala Asp Arg Lys Tyr Glu Glu Val Ala
115 120 125 130

cgt aag ctg gtc atc ctg gag ggt gag ctg gag agg gca gag gag cgt 488
Arg Lys Leu Val Ile Leu Glu Gly Glu Leu Glu Arg Ala Glu Glu Arg
135 140 145

gcg gag gtg tct gaa cta aaa tgt ggt gac ctg gaa gaa gaa ctc aag 536
Ala Glu Val Ser Glu Leu Lys Cys Gly Asp Leu Glu Glu Glu Leu Lys
150 155 160

aat gtt act aac aat ctg aaa tct ctg gag gct gca tct gaa aag tat 584
Asn Val Thr Asn Asn Leu Lys Ser Leu Glu Ala Ala Ser Glu Lys Tyr
165 170 175

tct gaa aag gag gac aaa tat gaa gaa gaa att aaa ctt ctg tct gac 632
Ser Glu Lys Glu Asp Lys Tyr Glu Glu Glu Ile Lys Leu Leu Ser Asp
180 185 190

aaa ctg aaa gag gct gag acc cgt gct gaa ttt gca gag aga acg gtt 680
Lys Leu Lys Glu Ala Glu Thr Arg Ala Glu Phe Ala Glu Arg Thr Val
195 200 205 210

gca aaa ctg gaa aag aca att gat gac ctg gaa gag aaa ctt gcc cag 728
Ala Lys Leu Glu Lys Thr Ile Asp Asp Leu Glu Glu Lys Leu Ala Gln
215 220 225

gcc aaa gaa gag aac gtg ggc tta cat cag aca ctg gat cag aca cta 776
Ala Lys Glu Glu Asn Val Gly Leu His Gln Thr Leu Asp Gln Thr Leu
230 235 240

aac gaa ctt aac tgt ata taa gcaaaacaga agagtcttgt tcacaacagaa 827
Asn Glu Leu Asn Cys Ile
245

actctggagc tccgtgggtc tttctttct cttgttaagaa gttccttttg ttattgccat 887

cttcgccttg ctggaaatgt caagcaaatt atgaatacat gaccaaataat tttgtatcgg 947

agaagctttg agcaccagtt aaatctcatt cttcccttt tttttcaaa tggcaccagc 1007
ttttttagct ctcttatttt ttcccttaagt agcatttatt cctaaggtag gcagggtatt 1067
tccttagtaag catactttct taagacggag gccatgggt tcctgggaga ataggcagcc 1127
ccacactttgc aagaatacag accccagtat ctagtcgtgg atataattaa aacgctgaag 1187
accataaacct tttgggtcaa ctgttggtca aactatagga gagaccaggg accatcacat 1247
gggttagggat ttccatcca gagccaataa aaggactggc gggggccggg ggtggctatt 1307
gtggaaagtc ataacccaca gatagatcaa cctaagaatc ctggcccttc tccactctcc 1367
accatgcagg acaaacatct tctcaagcag tcaacgtaga atgcttggga aatagtcata 1427
attaccacata tagtaatt aatagatggt aattaattga tccttgatgt gatgttcttt 1487
tgcataatttc cttcattcta aagttgttcc ctggccggga gcgttgcatt tcgcctgtaa 1547
tccccaaact ttgggaggcc aggacagatc acttgaggc aggagttcga gaccagccca 1607
gccaaacatgg cgaaaccatg tctctactaa aaataaaaaa attatggtga cgccctgcctg 1667
tagtcccagc tactcgggag gctgaggcag gaggatcgct tgaacctcagg aagtggagac 1727
tgcagtgagc cgatatcgca ccacagcgct ccagcctggc cgacagagtg agactccatc 1787
tcaagaaaaaa ataaaaataa agttgttctc tgaagagcaa atgtctcatt ccagtaatga 1847
ccccactcagc aggaatatgg tggagttcag tcccaattcag gtcagccata tccaaaagac 1907
cacaagtcata tactaagttg agcaaaaagag tttttatcta ttagcagaaaa gggccctctc 1967
ggcagcagag attaaaaact ggcccaactt cattccata cttcagggaa cagcaaattg 2027
aggatttact tatcttaggac tt 2049

<210> 4
 <211> 248
 <212> P R T
 <213> Homo sapiens

<400> 4

Met Ala Gly Leu Asn Ser Leu Glu Ala Val Lys Arg Lys Ile Gln Ala
 | 5 | 10 | 15

Leu Gln Gln Gln Ala Asp Glu Ala Glu Asp Arg Ala Gln Gly Leu Gln
20 25 30

Arg Glu Leu Asp Gly Glu Arg Glu Arg Arg Glu Lys Ala Glu Gly Asp
35 40 45

Val Ala Ala Leu Asn Arg Arg Ile Gln Leu Val Glu Glu Glu Leu Asp
50 55 60

Arg Ala Gln Glu Arg Leu Ala Thr Ala Leu Gln Lys Leu Glu Glu Ala
65 70 75 80

Glu Lys Ala Ala Asp Glu Ser Glu Arg Gly Met Lys Val Ile Glu Asn
85 90 95

Arg Ala Met Lys Asp Glu Glu Lys Met Glu Ile Gln Glu Met Gln Leu
100 105 110

Lys Glu Ala Lys His Ile Ala Glu Glu Ala Asp Arg Lys Tyr Glu Glu
115 120 125

Val Ala Arg Lys Leu Val Ile Leu Glu Gly Glu Leu Glu Arg Ala Glu
130 135 140

Glu Arg Ala Glu Val Ser Glu Leu Lys Cys Gly Asp Leu Glu Glu Glu
145 150 155 160

Leu Lys Asn Val Thr Asn Asn Leu Lys Ser Leu Glu Ala Ala Ser Glu
165 170 175

Lys Tyr Ser Glu Lys Glu Asp Lys Tyr Glu Glu Glu Ile Lys Leu Leu
180 185 190

Ser Asp Lys Leu Lys Glu Ala Glu Thr Arg Ala Glu Phe Ala Glu Arg
195 200 205

Thr Val Ala Lys Leu Glu Lys Thr Ile Asp Asp Leu Glu Glu Lys Leu

210

215

220

Ala Gln Ala Lys Glu Glu Asn Val Gly Leu His Gln Thr Leu Asp Gln
 225 230 235 240

Thr Leu Asn Glu Leu Asn Cys Ile
 245

<210> 5
 <211> 2251
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (154)..(1533)
 <223>

<400> 5
 gccgcgtgca gaggtgctca agcctccctcg cggtccgcag tcagtgcgc cgcgcggc 60
 ctccccgacg ccccgccagg t agcgcccccg cccgcggccc agagtgccgt cgccggca 120
 ccagctcccg gataaacggc gcgcggcgcg gag atg aca gcc gag gag atg aag 174
 Met Thr Ala Glu Glu Met Lys
 1 5

gcg acc gag agc ggg gcg cag tcg gcg ccg ctg ccc atg gag gga gtg 222
 Ala Thr Glu Ser Gly Ala Gln Ser Ala Pro Leu Pro Met Glu Gly Val
 10 15 20

gac atc agc ccc aaa cag gac gaa ggc gtg ctg aag gtc atc aag aga 270
 Asp Ile Ser Pro Lys Gln Asp Glu Gly Val Leu Lys Val Ile Lys Arg
 25 30 35

gag ggc aca ggt aca gag atg ccc atg att ggg gac cga gtc ttt gtc 318
 Glu Gly Thr Gly Thr Glu Met Pro Met Ile Gly Asp Arg Val Phe Val
 40 45 50 55

cac tac act ggc tgg cta tta gat ggc aca aag ttt gac tcc agt ctg 366
 His Tyr Thr Gly Trp Leu Leu Asp Gly Thr Lys Phe Asp Ser Ser Leu
 60 65 70

gat cgc aag gac aaa ttc tcc ttt gac ctg gga aaa ggg gag gtc atc 414
 Asp Arg Lys Asp Lys Phe Ser Phe Asp Leu Gly Lys Gly Glu Val Ile
 75 80 85

aag gct tgg gac att gcc ata gcc acc atg aag gtg ggg gag gtg tgc	462
Lys Ala Trp Asp Ile Ala Ile Ala Thr Met Lys Val Gly Glu Val Cys	
90 95 100	
cac atc acc tgc aaa cca gaa tat gcc tac ggt tca gca ggc agt cct	510
His Ile Thr Cys Lys Pro Glu Tyr Ala Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Pro	
105 110 115	
cca aag att ccc ccc aat gcc acg ctt gta ttt gag gtg gag ttg ttt	558
Pro Lys Ile Pro Pro Asn Ala Thr Leu Val Phe Glu Val Glu Leu Phe	
120 125 130 135	
gag ttt aag gga gaa gat ctg acg gaa gag gaa gat ggc gga atc att	606
Glu Phe Lys Gly Glu Asp Leu Thr Glu Glu Glu Asp Gly Gly Ile Ile	
140 145 150	
cgc aga ata cag act cgc ggt gaa ggc tat gct aag ccc aat gag ggt	654
Arg Arg Ile Gln Thr Arg Gly Glu Gly Tyr Ala Lys Pro Asn Glu Gly	
155 160 165	
gct atc gtg gag gtt gca ctg gaa ggg tac tac aag gac aag ctc ttt	702
Ala Ile Val Glu Val Ala Leu Glu Gly Tyr Tyr Lys Asp Lys Leu Phe	
170 175 180	
gac cag cgg gag ctc cgc ttt gag att ggc gag ggg gag aac ctg gat	750
Asp Gln Arg Glu Leu Arg Phe Glu Ile Gly Glu Gly Glu Asn Leu Asp	
185 190 195	
ctg cct tat ggt ctg gag agg gcc att cag cgc atg gag aaa gga gaa	798
Leu Pro Tyr Gly Leu Glu Arg Ala Ile Gln Arg Met Glu Lys Gly Glu	
200 205 210 215	
cat tcc atc gtg tac ctc aag ccc agc tat gct ttt ggc agt gtt ggg	846
His Ser Ile Val Tyr Leu Lys Pro Ser Tyr Ala Phe Gly Ser Val Gly	
220 225 230	
aag gaa aag ttc caa atc cca cca aat gct gag ctg aaa tat gaa tta	894
Lys Glu Lys Phe Gln Ile Pro Pro Asn Ala Glu Leu Lys Tyr Glu Leu	
235 240 245	
cac ctc aag agt ttt gaa aag gcc aag gag tct tgg gag atg aat tca	942
His Leu Lys Ser Phe Glu Lys Ala Lys Glu Ser Trp Glu Met Asn Ser	
250 255 260	
gaa gag aag ctg gaa cag agc acc ata gtg aaa gag cgg ggc act gtg	990
Glu Glu Lys Leu Glu Gln Ser Thr Ile Val Lys Glu Arg Gly Thr Val	
265 270 275	
tac ttc aag gaa ggt aaa tac aag caa gct tta cta cag tat aag aag	1038
Tyr Phe Lys Glu Gly Lys Tyr Lys Gln Ala Leu Leu Gln Tyr Lys Lys	

280

285

290

295

atc	gtg	tct	tgg	ctg	gaa	tat	gag	tct	agt	ttt	tcc	aat	gag	gaa	gca	1086						
Ile	Val	Ser	Trp	Leu	Glu	Tyr	Glu	Ser	Ser	Phe	Ser	Asn	Glu	Glu	Ala							
				300				305					310									
cag	aaa	gca	cag	gcc	ctt	cga	ctg	gcc	tct	cac	ctc	aac	ctg	gcc	atg	1134						
Gln	Lys	Ala	Gln	Ala	Leu	Arg	Leu	Ala	Ser	His	Leu	Asn	Leu	Ala	Met							
				315				320					325									
tgt	cat	ctg	aaa	cta	cag	gcc	ttc	tct	gct	gcc	att	gaa	agc	tgt	aac	1182						
Cys	His	Leu	Lys	Leu	Gln	Ala	Phe	Ser	Ala	Ala	Ile	Glu	Ser	Cys	Asn							
				330				335				340										
aag	gcc	cta	gaa	ctg	gac	agc	aac	aac	gag	aag	ggc	ctc	ttc	cgc	cgg	1230						
Lys	Ala	Leu	Glu	Leu	Asp	Ser	Asn	Asn	Glu	Lys	Gly	Leu	Phe	Arg	Arg							
				345				350			355											
gga	gag	gcc	cac	ctg	gcc	gtg	aat	gac	ttt	gaa	ctg	gca	cgg	gct	gat	1278						
Gly	Glu	Ala	His	Leu	Ala	Val	Asn	Asp	Phe	Glu	Leu	Ala	Arg	Ala	Asp							
				360				365			370			375								
ttc	cag	aag	gtc	ctg	cag	ctc	tac	ccc	aac	aac	aaa	gcc	gcc	aag	acc	1326						
Phe	Gln	Lys	Val	Leu	Gln	Leu	Tyr	Pro	Asn	Asn	Lys	Ala	Ala	Lys	Thr							
				380				385				390										
cag	ctg	gct	gtg	tgc	cag	cag	cgg	atc	cga	agg	cag	ctt	gcc	cgg	gag	1374						
Gln	Leu	Ala	Val	Cys	Gln	Gln	Arg	Ile	Arg	Arg	Gln	Leu	Ala	Arg	Glu							
				395				400				405										
aag	aag	ctc	tat	gcc	aat	atg	ttt	gag	agg	ctg	gct	gag	gag	gag	aac	1422						
Lys	Lys	Leu	Tyr	Ala	Asn	Met	Phe	Glu	Arg	Leu	Ala	Glu	Glu	Glu	Asn							
				410				415			420											
aag	gcc	aag	gca	gag	gct	tcc	tca	gga	gac	cat	ccc	act	gac	aca	gag	1470						
Lys	Ala	Lys	Ala	Glu	Ala	Ser	Ser	Gly	Asp	His	Pro	Thr	Asp	Thr	Glu							
				425				430			435											
atg	aag	gag	gag	cag	aag	agc	aac	acg	gca	ggg	agc	cag	tct	cag	gtg	1518						
Met	Lys	Glu	Glu	Gln	Lys	Ser	Asn	Thr	Ala	Gly	Ser	Gln	Ser	Gln	Val							
				440				445			450			455								
gag	aca	gaa	gca	tag	cccc	tctcca	ccag	ccct	act	taaaaa	act	ga	aga	at	ttt	ga	gt	ga	at	tag	ga	1573
Glu	Thr	Glu	Ala																			
cagt	tccccc	act	ccac	ccct	gtt	at	tttg	taaaaa	act	ga	aga	at	ttt	ga	gt	ga	at	tag	ga	1633		
cctttat	ttt	tct	at	ctg	gtt	at	ttt	gg	gtt	at	gggg	gg	aggggg	aaag	gt	gt	at	gg	ctg	1693		

gggatttag	gtggggatc	attttagctg	gtgtcagccc	ctttccctt	cctccattgc	1753
acatgaacat	atgtccatcc	atatatattc	atcagaatgt	taatttat	tgctccctc	1813
gttaggtcca	ttttctaagg	gtagaagagg	caagtggtag	ggatgaggc	tgataagaac	1873
ccagggtgga	gagggagact	cctgggcagc	cgttttcctc	atccttccc	tctccagtc	1933
catttccaaa	tgtggcctcc	atgtgggtgc	tagggacatg	ggaaaaacca	ctgctatgcc	1993
atttcttc	tctgttccct	tcctcacccc	cgacggtgtg	gctgatgatg	tcttctgg	2053
tcatggtgac	cacccctgt	tccctgttct	ggtatttccc	ctgtcagtt	ccctctcgg	2113
ccaggttgtg	tccaaaaatc	ccctcagcct	cttctctgca	cgttgctgaa	ggtccaggct	2173
tgcctcaagt	tccatgcttg	agcaataaaag	tggaaacaat	aaaacctggg	tgtcagacaa	2233
aaaaaaaaaa	aaaaaaaa					2251

<210> 6
 <211> 459
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 6

Met	Thr	Ala	Glu	Glu	Met	Lys	Ala	Thr	Glu	Ser	Gly	Ala	Gln	Ser	Ala
1					5				10						15

Pro	Leu	Pro	Met	Glu	Gly	Val	Asp	Ile	Ser	Pro	Lys	Gln	Asp	Glu	Gly
								20							25

Val	Leu	Lys	Val	Ile	Lys	Arg	Glu	Gly	Thr	Gly	Thr	Glu	Met	Pro	Met
									35						40

Ile	Gly	Asp	Arg	Val	Phe	Val	His	Tyr	Thr	Gly	Trp	Leu	Leu	Asp	Gly
									50						55

Thr	Lys	Phe	Asp	Ser	Ser	Leu	Asp	Arg	Lys	Asp	Lys	Phe	Ser	Phe	Asp
65									75						80

Leu	Gly	Lys	Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Trp	Asp	Ile	Ala	Ile	Ala	Thr
									85						95

Met Lys Val Gly Glu Val Cys His Ile Thr Cys Lys Pro Glu Tyr Ala
100 105 110

Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Pro Pro Lys Ile Pro Pro Asn Ala Thr Leu
115 120 125

Val Phe Glu Val Glu Leu Phe Glu Phe Lys Gly Glu Asp Leu Thr Glu
130 135 140

Glu Glu Asp Gly Gly Ile Ile Arg Arg Ile Gln Thr Arg Gly Glu Gly
145 150 155 160

Tyr Ala Lys Pro Asn Glu Gly Ala Ile Val Glu Val Ala Leu Glu Gly
165 170 175

Tyr Tyr Lys Asp Lys Leu Phe Asp Gln Arg Glu Leu Arg Phe Glu Ile
180 185 190

Gly Glu Gly Glu Asn Leu Asp Leu Pro Tyr Gly Leu Glu Arg Ala Ile
195 200 205

Gln Arg Met Glu Lys Gly Glu His Ser Ile Val Tyr Leu Lys Pro Ser
210 215 220

Tyr Ala Phe Gly Ser Val Gly Lys Glu Lys Phe Gln Ile Pro Pro Asn
225 230 235 240

Ala Glu Leu Lys Tyr Glu Leu His Leu Lys Ser Phe Glu Lys Ala Lys
245 250 255

Glu Ser Trp Glu Met Asn Ser Glu Glu Lys Leu Glu Gln Ser Thr Ile
260 265 270

Val Lys Glu Arg Gly Thr Val Tyr Phe Lys Glu Gly Lys Tyr Lys Gln
275 280 285

Ala Leu Leu Gln Tyr Lys Lys Ile Val Ser Trp Leu Glu Tyr Glu Ser
290 295 300

Ser Phe Ser Asn Glu Glu Ala Gln Lys Ala Gln Ala Leu Arg Leu Ala
305 310 315 320

Ser His Leu Asn Leu Ala Met Cys His Leu Lys Leu Gln Ala Phe Ser
325 330 335

Ala Ala Ile Glu Ser Cys Asn Lys Ala Leu Glu Leu Asp Ser Asn Asn
340 345 350

Glu Lys Gly Leu Phe Arg Arg Gly Glu Ala His Leu Ala Val Asn Asp
355 360 365

Phe Glu Leu Ala Arg Ala Asp Phe Gln Lys Val Leu Gln Leu Tyr Pro
370 375 380

Asn Asn Lys Ala Ala Lys Thr Gln Leu Ala Val Cys Gln Gln Arg Ile
385 390 395 400

Arg Arg Gln Leu Ala Arg Glu Lys Lys Leu Tyr Ala Asn Met Phe Glu
405 410 415

Arg Leu Ala Glu Glu Glu Asn Lys Ala Lys Ala Glu Ala Ser Ser Gly
420 425 430

Asp His Pro Thr Asp Thr Glu Met Lys Glu Glu Gln Lys Ser Asn Thr
435 440 445

Ala Gly Ser Gln Ser Gln Val Glu Thr Glu Ala
450 455

<210> 7

<211> 2562

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (56)..(1651)

<223>

<400> 7

g c c g c g c c g g c t c t g g g c a c t c a g c a t c g t t t c c t t t c c t c c g c t g g a g c a g c a t g 58
Met
l

g c g g c g g t g a a g a c c c t g a a c c c c a a g g c c g a g g t g g c c c g a g c g g a g 106
A l a A l a V a l L y s T h r L e u A s n P r o L y s A l a G l u V a l A l a A r g A l a G l n
5 10 15

g c g g c g c t g g c g g t c a a c a t c a g c g c a g c g c g g g t c t g c a g g a c g t g 154
A l a A l a L e u A l a V a l A s n I l e S e r A l a A l a A r g G l y L e u G l n A s p V a l
20 25 30

c t a a g g a c c a a c c t g g g g c c a a g g g c a c c a t g a a g a t g c t c g t t t c t 202
L e u A r g T h r A s n L e u G l y P r o L y s G l y T h r M e t L y s M e t L e u V a l S e r
35 40 45

g g c g c t g g a g a c a t c a a a c t t a c t a a a g a c g g c a a t g t g c t g c t t c a c 250
G l y A l a G l y A s p I l e L y s L e u T h r L y s A s p G l y A s n V a l L e u L e u H i s
50 55 60 65

g a a a t g c a a a t t c a a c a c c a a c a g c t t c c t t a a t g c a a a g g t a g c a 298
G l u M e t G l n I l e G l n H i s P r o T h r A l a S e r L e u I l e A l a L y s V a l A l a
70 75 80

a c a g c c c a g g a t g a t a t a a c t g g t g a t g g t a c g a c t t c t a a t g t c c t a 346
T h r A l a G l n A s p A s p I l e T h r G l y A s p G l y T h r T h r S e r A s n V a l L e u
85 90 95

a t c a t t g g a g a g c t g c t g a a a c a g g c g g a t c t c t a c t a t t t c t g a a g g c 394
I l e I l e G l y G l u L e u L e u L y s G l n A l a A s p L e u T y r I l e S e r G l u G l y
100 105 110

c t t c a t c c t a g a a t a a t c a c t g a a g g a t t t g a a g c t g c a a a g g a a a g 442
L e u H i s P r o A r g I l e I l e T h r G l u G l y P h e G l u A l a A l a L y s G l u L y s
115 120 125

g c c c t t c a g t t t t t g g a a g a g t c a a a g t a a g c a g a g a g a t g g a c a g g 490
A l a L e u G l n P h e L e u G l u G l u V a l L y s V a l S e r A r g G l u M e t A s p A r g
130 135 140 145

g a a a c a c t t a t a g a t g t g g c c a g a a c a t c t c t t c g t a c t a a a g t t c a t 538
G l u T h r L e u I l e A s p V a l A l a A r g T h r S e r L e u A r g T h r L y s V a l H i s
150 155 160

g c t g a a c t t g c a g a t g t c t t a a c a g a g g c t g t a g t g g a c t c c a t t t g 586

Ala Glu Leu Ala Asp Val Leu Thr Glu Ala Val Val Asp Ser Ile Leu
165 170 175

gcc att aaa aag caa gat gaa cct att gat ctc ttc atg att gag atc 634
Ala Ile Lys Lys Gln Asp Glu Pro Ile Asp Leu Phe Met Ile Glu Ile
180 185 190

atg gag atg aaa cat aaa tct gaa act gat aca agc tta atc aga ggg 682
Met Glu Met Lys His Lys Ser Glu Thr Asp Thr Ser Leu Ile Arg Gly
195 200 205

ctt gtt ttg gac cac gga gca cgg cat cct gat atg aag aaa agg gtg 730
Leu Val Leu Asp His Gly Ala Arg His Pro Asp Met Lys Lys Arg Val
210 215 220 225

gag gat gca tac atc ctc act tgt aac gtg tca tta gag tat gag aaa 778
Glu Asp Ala Tyr Ile Leu Thr Cys Asn Val Ser Leu Glu Tyr Glu Lys
230 235 240

aca gaa gtg aat tct ggc ttt ttt tac aag agt gca gaa gag aga gaa 826
Thr Glu Val Asn Ser Gly Phe Phe Tyr Lys Ser Ala Glu Glu Arg Glu
245 250 255

aaa ctc gtg aaa gct gaa aga aaa ttc att gaa gat agg gtt aaa aaa 874
Lys Leu Val Lys Ala Glu Arg Lys Phe Ile Glu Asp Arg Val Lys Lys
260 265 270

ata ata gaa ctg aaa agg aaa gtc tgt ggc gat tca gat aaa gga ttt 922
Ile Ile Glu Leu Lys Arg Lys Val Cys Gly Asp Ser Asp Lys Gly Phe
275 280 285

gtt gtt att aat caa aag gga att gac ccc ttt tcc tta gat gct ctt 970
Val Val Ile Asn Gln Lys Gly Ile Asp Pro Phe Ser Leu Asp Ala Leu
290 295 300 305

tca aaa gaa ggc ata gtc gct ctg cgc aga gct aaa agg aga aat atg 1018
Ser Lys Glu Gly Ile Val Ala Leu Arg Arg Ala Lys Arg Arg Asn Met
310 315 320

gag agg ctg act ctt gct tgt ggt ggg gta gcc ctg aat tct ttt gac 1066
Glu Arg Leu Thr Leu Ala Cys Gly Gly Val Ala Leu Asn Ser Phe Asp
325 330 335

gac cta agt cct gac tgc ttg gga cat gca gga ctt gta tat gag tat 1114
Asp Leu Ser Pro Asp Cys Leu Gly His Ala Gly Leu Val Tyr Glu Tyr
340 345 350

aca ttg gga gaa gag aag ttt acc ttt att gag aaa tgt aac aac cct 1162
Thr Leu Gly Glu Glu Lys Phe Thr Phe Ile Glu Lys Cys Asn Asn Pro
355 360 365

cgt tct gtc aca tta ttg atc aaa gga cca aat aag cac aca ctc act 1210
Arg Ser Val Thr Leu Leu Ile Lys Gly Pro Asn Lys His Thr Leu Thr
370 375 380 385

cag atc aaa gat gca gtg agg gac ggc ttg agg gct gtc aaa aat gct 1258
Gln Ile Lys Asp Ala Val Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Lys Asn Ala
390 395 400

att gat gat ggc tgt gtg gtt cca ggt gct ggt gcc gtg gaa gtg gca 1306
Ile Asp Asp Gly Cys Val Val Pro Gly Ala Gly Ala Val Glu Val Ala
405 410 415

atg gca gaa gcc ctg att aaa cat aag ccc agt gta aag ggc agg gca 1354
Met Ala Glu Ala Leu Ile Lys His Lys Pro Ser Val Lys Gly Arg Ala
420 425 430

cag ctt gga gtc caa gca ttt gct gat gca ttg ctc att att ccc aag 1402
Gln Leu Gly Val Gln Ala Phe Ala Asp Ala Leu Leu Ile Ile Pro Lys
435 440 445

gtt ctt gct cag aac tct ggt ttt gac ctt cag gaa aca tta gtt aaa 1450
Val Leu Ala Gln Asn Ser Gly Phe Asp Leu Gln Glu Thr Leu Val Lys
450 455 460 465

att caa gca gaa cat tca gaa tca ggt cag ctt gtg ggt gtg gac ctg 1498
Ile Gln Ala Glu His Ser Glu Ser Gly Gln Leu Val Gly Val Asp Leu
470 475 480

aac aca ggt gag cca atg gtg gca gca gaa gta ggc gta tgg gat aac 1546
Asn Thr Gly Glu Pro Met Val Ala Ala Glu Val Gly Val Trp Asp Asn
485 490 495

tat tgt gta aag aaa cag ctt ctt cac tcc tgc act gtg att gcc acc 1594
Tyr Cys Val Lys Lys Gln Leu Leu His Ser Cys Thr Val Ile Ala Thr
500 505 510

aac att ctc ttg gtt gat gag atc atg cga gct gga atg tct tct ctg 1642
Asn Ile Leu Leu Val Asp Glu Ile Met Arg Ala Gly Met Ser Ser Leu
515 520 525

aaa ggt tga attgaagctt cctctgtatc tgaatcttga agactgaaaa 1691
Lys Gly
530

gtgatcctga ggattacagc tgtggaattt ttgtccaagg ttcaaataat tttgaaagaa 1751

attttccat atgaaaaaaag gagagaacac tggcatctgt tgaaatttgg aagttctgaa 1811

attatagtat tttaaaaat tgcactgaag tgtatacaca taaagcaggt ctttatcca 1871

gtgaacagga	tgttttgctt	tagcagcagt	gacataaaat	tccatgttag	ataaggcatat	1931
gttacttacc	ttgttattaa	atatttcttg	aaaagcaaat	tttaatggtt	aattttatgt	1991
ggacgtatgt	taaattatcc	aaactaccct	attgttaagc	atttggtttt	aaaattttta	2051
tgctaataata	aatgctcaag	taatttaaaa	tattgaaagc	atcccgttg	gtataaattt	2111
ctgagtaaat	gcattggatc	agttggactt	tgaacgccct	ttgaaatggc	tttgctaaaa	2171
tgctcccgcc	acaaagttgt	agggaaatggg	aagaggagtc	aactagaggc	aagggagttg	2231
agagagagctgc	aactgtaaag	ggcaagaaca	ggcagaggtt	aaaagatgtat	ggaagggtgt	2291
gtgactaagg	gccacggtta	ttgggtgaaa	tttgagatgt	aggccaactg	tattttcaag	2351
cttctgaact	taaggcaaaa	tattcatacg	aaagtctcta	gcgtcatattt	tttctcaccc	2411
aaattacgtt	tccacgagtt	attatatata	gttgtctat	ctctgcagtc	cttgaagggt	2471
aagtttgttg	ttacttaggct	gtgttttggg	atgtcagcag	tggccgtgaag	tgagttgtgc	2531
aataaaatgtt	aagttgaaac	ctcaaaaaaa	a			2562

<210> 8
<211> 531
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 8

Met Ala Ala Val Lys Thr Leu Asn Pro Lys Ala Glu Val Ala Arg Ala
 1 5 10 15

Gln Ala Ala Leu Ala Val Asn Ile Ser Ala Ala Arg Gly Leu Gln Asp
20 25 30

Val Leu Arg Thr Asn Leu Gly Pro Lys Gly Thr Met Lys Met Leu Val
35 40 45

Ser Gly Ala Gly Asp Ile Lys Leu Thr Lys Asp Gly Asn Val Leu Leu
 50 55 60

His Glu Met Gln Ile Gln His Pro Thr Ala Ser Leu Ile Ala Lys Val

65

70

75

80

Ala Thr Ala Gln Asp Asp Ile Thr Gly Asp Gly Thr Thr Ser Asn Val
85 90 95

Leu Ile Ile Gly Glu Leu Leu Lys Gln Ala Asp Leu Tyr Ile Ser Glu
100 105 110

Gly Leu His Pro Arg Ile Ile Thr Glu Gly Phe Glu Ala Ala Lys Glu
115 120 125

Lys Ala Leu Gln Phe Leu Glu Glu Val Lys Val Ser Arg Glu Met Asp
130 135 140

Arg Glu Thr Leu Ile Asp Val Ala Arg Thr Ser Leu Arg Thr Lys Val
145 150 155 160

His Ala Glu Leu Ala Asp Val Leu Thr Glu Ala Val Val Asp Ser Ile
165 170 175

Leu Ala Ile Lys Lys Gln Asp Glu Pro Ile Asp Leu Phe Met Ile Glu
180 185 190

Ile Met Glu Met Lys His Lys Ser Glu Thr Asp Thr Ser Leu Ile Arg
195 200 205

Gly Leu Val Leu Asp His Gly Ala Arg His Pro Asp Met Lys Lys Arg
210 215 220

Val Glu Asp Ala Tyr Ile Leu Thr Cys Asn Val Ser Leu Glu Tyr Glu
225 230 235 240

Lys Thr Glu Val Asn Ser Gly Phe Phe Tyr Lys Ser Ala Glu Glu Arg
245 250 255

Glu Lys Leu Val Lys Ala Glu Arg Lys Phe Ile Glu Asp Arg Val Lys
260 265 270

Lys Ile Ile Glu Leu Lys Arg Lys Val Cys Gly Asp Ser Asp Lys Gly
275 280 285

Phe Val Val Ile Asn Gln Lys Gly Ile Asp Pro Phe Ser Leu Asp Ala
290 295 300

Leu Ser Lys Glu Gly Ile Val Ala Leu Arg Arg Ala Lys Arg Arg Asn
305 310 315 320

Met Glu Arg Leu Thr Leu Ala Cys Gly Gly Val Ala Leu Asn Ser Phe
325 330 335

Asp Asp Leu Ser Pro Asp Cys Leu Gly His Ala Gly Leu Val Tyr Glu
340 345 350

Tyr Thr Leu Gly Glu Glu Lys Phe Thr Phe Ile Glu Lys Cys Asn Asn
355 360 365

Pro Arg Ser Val Thr Leu Leu Ile Lys Gly Pro Asn Lys His Thr Leu
370 375 380

Thr Gln Ile Lys Asp Ala Val Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Lys Asn
385 390 395 400

Ala Ile Asp Asp Gly Cys Val Val Pro Gly Ala Gly Ala Val Glu Val
405 410 415

Ala Met Ala Glu Ala Leu Ile Lys His Lys Pro Ser Val Lys Gly Arg
420 425 430

Ala Gln Leu Gly Val Gln Ala Phe Ala Asp Ala Leu Leu Ile Ile Pro
435 440 445

Lys Val Leu Ala Gln Asn Ser Gly Phe Asp Leu Gln Glu Thr Leu Val
450 455 460

Lys Ile Gln Ala Glu His Ser Glu Ser Gly Gln Leu Val Gly Val Asp

465

470

475

480

Leu Asn Thr Gly Glu Pro Met Val Ala Ala Glu Val Gly Val Trp Asp
 485 490 495

Asn Tyr Cys Val Lys Lys Gln Leu Leu His Ser Cys Thr Val Ile Ala
 500 505 510

Thr Asn Ile Leu Leu Val Asp Glu Ile Met Arg Ala Gly Met Ser Ser
 515 520 525

Leu Lys Gly
 530

<210> 9

<211> 2208

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (230)..(1486)

<223>

<400> 9

tctttggctt ttttggcgg agctggggcg ccctccggaa gcgtttccaa ctttccagaa 60

gtttctcggg acgggcagga ggggtgggg actgccatat atagatcccc ggagcagggg 120

agcgggctaa gagtagaatac gtgtcgccgc tcgagagcga gagtcacgta cggcgctag 180

cccagccga cccaggccca ccgtggtgca cgcaaaccac ttccctggcc atg cgc tcc 238
 Met Arg Ser
 1ctc ctg ctt ctc agc gcc ttc tgc ctc ctg gag gcg gcc ctc gcc gcc 286
 Leu Leu Leu Leu Ser Ala Phe Cys Leu Leu Glu Ala Ala Leu Ala Ala
 5 10 15gag gtg aag aaa cct gca gcc gca gca gct cct ggc act gcg gag aag 334
 Glu Val Lys Lys Pro Ala Ala Ala Ala Pro Gly Thr Ala Glu Lys
 20 25 30 35ttg agc ccc aag gcg gcc acg ctt gcc gag cgc agc gcc ggc ctc gcc 382
 Leu Ser Pro Lys Ala Ala Thr Leu Ala Glu Arg Ser Ala Gly Leu Ala

40

45

50

t t c a g c t t g t a c c a g g c c a t g g c c a a g g a c c a g g c a g t g g a g a a c a t c Phe Ser Leu Tyr Gln Ala Met Ala Lys Asp Gln Ala Val Glu Asn Ile	430
55 60 65	
c t g g t g t c a c c c g t g g t g g c c t c g t c g c t a g g g c t c g t g t c g c t g Leu Val Ser Pro Val Val Ala Ser Ser Leu Gly Leu Val Ser Leu	478
70 75 80	
g g c g g c a a g g c g a c c a c g g c g t c g c a g g c a g g c a g t g c t g a g c g c Gly Gly Lys Ala Thr Thr Ala Ser Gln Ala Lys Ala Val Leu Ser Ala	526
85 90 95	
g a g c a g c t g c g c g a c g a g g g t g c a c g c c g g c c t g g g c g a g c t g c t g Glu Gln Leu Arg Asp Glu Glu Val His Ala Gly Leu Gly Glu Leu Leu	574
100 105 110 115	
c g c t c a c t c a g c a a c t c c a c g g c g c g c a a c g t g a c c t g g a a g c t g g g c Arg Ser Leu Ser Asn Ser Thr Ala Arg Asn Val Thr Trp Lys Leu Gly	622
120 125 130	
a g c c g a c t g t a c g g a c c c a g c t c a g t g a g c t t c g c t g a t g a c t t c g t g Ser Arg Leu Tyr Gly Pro Ser Ser Val Ser Phe Ala Asp Asp Phe Val	670
135 140 145	
c g c a g c a g c a a g c a g c a c t a c a a c t g c g a g c a c t c c a a g a t c a a c t t c Arg Ser Ser Lys Gln His Tyr Asn Cys Glu His Ser Lys Ile Asn Phe	718
150 155 160	
c g c g a c a a g c g c a g c g c t g c a g t c c a t c a a c g a g t g g g c c g c g c a g Arg Asp Lys Arg Ser Ala Leu Gln Ser Ile Asn Glu Trp Ala Ala Gln	766
165 170 175	
a c c a c c g a c g g c a a g c t g c c c g a g g t c a c c a a g g a c g t g g a g c g c a c g Thr Thr Asp Gly Lys Leu Pro Glu Val Thr Lys Asp Val Glu Arg Thr	814
180 185 190 195	
g a c g g c g c c t g c t a g t c a a c g c c a t g t t c t t c a a g c c a c a c t g g g a t Asp Gly Ala Leu Leu Val Asn Ala Met Phe Phe Lys Pro His Trp Asp	862
200 205 210	
g a g a a a t t c c a c c a c a a g a t g g t g g a c a a c c g t g g c c t t c a t g g t g a c t Glu Lys Phe His His Lys Met Val Asp Asn Arg Gly Phe Met Val Thr	910
215 220 225	
c g g t c c t a t a c c g t g g g t g t c a t g a t g a t g c a c c g g a c a g g c c t c t a c Arg Ser Tyr Thr Val Gly Val Met Met His Arg Thr Gly Leu Tyr	958
230 235 240	

aac tac tac gac gac gag aag gaa aag ctg caa atc gtg gag atg ccc	1006
Asn Tyr Tyr Asp Asp Glu Lys Glu Lys Leu Gln Ile Val Glu Met Pro	
245	250
255	
ctg gcc cac aag ctc tcc agc ctc atc atc ctc atg ccc cat cac gtg	1054
Leu Ala His Lys Leu Ser Ser Leu Ile Ile Leu Met Pro His His Val	
260	265
270	275
gag cct ctc gag cgc ctt gaa aag ctg cta acc aaa gag cag ctg aag	1102
Glu Pro Leu Glu Arg Leu Glu Lys Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys	
280	285
290	
atc tgg atg ggg aag atg cag aag aag gct gtt gcc atc tcc ttg ccc	1150
Ile Trp Met Gly Lys Met Gln Lys Lys Ala Val Ala Ile Ser Leu Pro	
295	300
305	
aag ggt gtg gtg gag gtg acc cat gac ctg cag aaa cac ctg gct ggg	1198
Lys Gly Val Val Glu Val Thr His Asp Leu Gln Lys His Leu Ala Gly	
310	315
320	
ctg ggc ctg act gag gcc att gac aag aac aag gcc gac ttg tca cgc	1246
Leu Gly Leu Thr Glu Ala Ile Asp Lys Asn Lys Ala Asp Leu Ser Arg	
325	330
335	
atg tca ggc aag aag gac ctg tac ctg gcc agc gtg ttc cac gcc acc	1294
Met Ser Gly Lys Lys Asp Leu Tyr Leu Ala Ser Val Phe His Ala Thr	
340	345
350	355
gcc ttt gag ttg gac aca gat ggc aac ccc ttt gac cag gac atc tac	1342
Ala Phe Glu Leu Asp Thr Asp Gly Asn Pro Phe Asp Gln Asp Ile Tyr	
360	365
370	
gag cgc gag gag ctg cgc agc ccc aag ctg ttc tac gcc gac cac ccc	1390
Gly Arg Glu Glu Leu Arg Ser Pro Lys Leu Phe Tyr Ala Asp His Pro	
375	380
385	
tcc atc ttc cta gtg cgg gac acc caa agc ggc tcc ctg cta ttc att	1438
Phe Ile Phe Leu Val Arg Asp Thr Gln Ser Gly Ser Leu Leu Phe Ile	
390	395
400	
ggg cgc ctg gtc cgg cct aag ggt gac aag atg cga gac gag tta tag	1486
Gly Arg Leu Val Arg Pro Lys Gly Asp Lys Met Arg Asp Glu Leu	
405	410
415	
ggcctcagg tgcacacagg atggcaggag gcatccaaag gctcctgaga cacatgggtg	1546
ctattgggt tggggggggag gtgaggtacc agccttggat actccatggg gtgggggtgg	1606
aaaaaacagac cgggttccc gtgtgcctga gcggaccc tc ccagctagaa ttcaactccac	1666

ttggacatgg gccccagata ccatgatgct gagcccgaa actccacatc ctgtgggacc 1726
tggccatag tcattctgcc tgccctgaaa gtcccagatc aaggctgcct caatcagtat 1786
tcatatttat agccaggta cttctcacct gtgagaccaa attgagctag gggggtcagc 1846
cagccctttt ctgacactaa aacacccctcag ctgcctcccc agctctatcc caacctctcc 1906
caactataaa actagggtgct gcagccccctg ggaccaggca ccccccagaat gacctggccg 1966
cagtgaggcg gattgagaag gagctcccag gaggggcttc tgggcagact ctggtcaaga 2026
agcatcgtgt ctggcggttgt ggggatgaac tttttgtttt gtttcttcct ttttagttc 2086
ttcaaaagata gggagggaaag ggggaacatg agcctttgtt gctatcaatc caagaactta 2146
tttgtacatt tttttttca ataaaacttt tccaatgaca ttttgttggc gcgtggaaaa 2206
aa 2208

<210>	10
<211>	418
<212>	PRT
<213>	Homo sapiens

<4 0 0> 10

Met Arg Ser Leu Leu Leu Leu Ser Ala Phe Cys Leu Leu Glu Ala Ala
1 5 10 15

Leu Ala Ala Glu Val Lys Lys Pro Ala Ala Ala Ala Ala Pro Gly Thr
 20 25 30

Ala Glu Lys Leu Ser Pro Lys Ala Ala Thr Leu Ala Glu Arg Ser Ala
35 40 45

Gly Leu Ala Phe Ser Leu Tyr Gln Ala Met Ala Lys Asp Gln Ala Val
50 55 60

Glu Asn Ile Leu Val Ser Pro Val Val Val Ala Ser Ser Leu Gly Leu
65 70 75 80

Val Ser Leu Gly Gly Lys Ala Thr Thr Ala Ser Gln Ala Lys Ala Val
85 90 95

Leu Ser Ala Glu Gln Leu Arg Asp Glu Glu Val His Ala Gly Leu Gly
100 105 110

Glu Leu Leu Arg Ser Leu Ser Asn Ser Thr Ala Arg Asn Val Thr Trp
115 120 125

Lys Leu Gly Ser Arg Leu Tyr Gly Pro Ser Ser Val Ser Phe Ala Asp
130 135 140

Asp Phe Val Arg Ser Ser Lys Gln His Tyr Asn Cys Glu His Ser Lys
145 150 155 160

Ile Asn Phe Arg Asp Lys Arg Ser Ala Leu Gln Ser Ile Asn Glu Trp
165 170 175

Ala Ala Gln Thr Thr Asp Gly Lys Leu Pro Glu Val Thr Lys Asp Val
180 185 190

Glu Arg Thr Asp Gly Ala Leu Leu Val Asn Ala Met Phe Phe Lys Pro
195 200 205

His Trp Asp Glu Lys Phe His His Lys Met Val Asp Asn Arg Gly Phe
210 215 220

Met Val Thr Arg Ser Tyr Thr Val Gly Val Met Met Met His Arg Thr
225 230 235 240

Gly Leu Tyr Asn Tyr Asp Asp Glu Lys Glu Lys Leu Gln Ile Val
245 250 255

Glu Met Pro Leu Ala His Lys Leu Ser Ser Leu Ile Ile Leu Met Pro
260 265 270

His His Val Glu Pro Leu Glu Arg Leu Glu Lys Leu Leu Thr Lys Glu
275 280 285

Gln Leu Lys Ile Trp Met Gly Lys Met Gln Lys Lys Ala Val Ala Ile
290 295 300

Ser Leu Pro Lys Gly Val Val Glu Val Thr His Asp Leu Gln Lys His
305 310 315 320

Leu Ala Gly Leu Gly Leu Thr Glu Ala Ile Asp Lys Asn Lys Ala Asp
325 330 335

Leu Ser Arg Met Ser Gly Lys Lys Asp Leu Tyr Leu Ala Ser Val Phe
340 345 350

His Ala Thr Ala Phe Glu Leu Asp Thr Asp Gly Asn Pro Phe Asp Gln
355 360 365

Asp Ile Tyr Gly Arg Glu Glu Leu Arg Ser Pro Lys Leu Phe Tyr Ala
370 375 380

Asp His Pro Phe Ile Phe Leu Val Arg Asp Thr Gln Ser Gly Ser Leu
385 390 395 400

Leu Phe Ile Gly Arg Leu Val Arg Pro Lys Gly Asp Lys Met Arg Asp
405 410 415

Glu Leu

<210> 11
<211> 1690
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (77)..(1429)
<223>

<400> 11
ggcacgagga aggttttgc tgcgcacaa cagtgaccga aggctccgct cacgcccc 60
ctgatcctgc ctgaag atg gtg cca ctg gtg gct gtg gta tca ggg ccc cgt 112

Met Val Pro Leu Val Ala Val Val Ser Gly Pro Arg
1 5 10

gcc cag ctc ttt gcc tgc ctg ctc agg ctg ggc act cag cag gtc ggc 160
Ala Gln Leu Phe Ala Cys Leu Leu Arg Leu Gly Thr Gln Gln Val Gly
15 20 25

ccc ctt cag ctg cac acc ggg gcc agc cat gcg gcc agg aac cat tat 208
Pro Leu Gln Leu His Thr Gly Ala Ser His Ala Ala Arg Asn His Tyr
30 35 40

gag gtg ctg gtg ctg ggt ggg ggc agt ggc gga atc acc atg gct gcc 256
Glu Val Leu Val Leu Gly Gly Ser Gly Gly Ile Thr Met Ala Ala
45 50 55 60

cgc atg aag agg aaa gtg ggt gca gag aat gtg gcc att gtt gag ccc 304
Arg Met Lys Arg Lys Val Gly Ala Glu Asn Val Ala Ile Val Glu Pro
65 70 75

agt gag aga cat ttc tac cag cca atc tgg aca ctg gtg ggt gct ggt 352
Ser Glu Arg His Phe Tyr Gln Pro Ile Trp Thr Leu Val Gly Ala Gly
80 85 90

gcc aaa caa ttg tcc tca tct ggt cgt ccc acg gca agt gtg att cca 400
Ala Lys Gln Leu Ser Ser Ser Gly Arg Pro Thr Ala Ser Val Ile Pro
95 100 105

tct ggt gta gaa tgg atc aaa gct aga gtg act gag ttg aac cca gac 448
Ser Gly Val Glu Trp Ile Lys Ala Arg Val Thr Glu Leu Asn Pro Asp
110 115 120

aag aac tgc att cac aca gat gac gac gag aag atc tcc tac cga tat 496
Lys Asn Cys Ile His Thr Asp Asp Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Arg Tyr
125 130 135 140

ctt att att gct ctc gga atc cag ctg gac tat gag aag att aaa ggc 544
Leu Ile Ile Ala Leu Gly Ile Gln Leu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Gly
145 150 155

cta cct gaa ggt ttc gct cat ccc aaa ata ggg tcg aat tat tca gtt 592
Leu Pro Glu Gly Phe Ala His Pro Lys Ile Gly Ser Asn Tyr Ser Val
160 165 170

aag act gta gag aag aca tgg aaa gct ctg cag gac ttc aaa gag ggc 640
Lys Thr Val Glu Lys Thr Trp Lys Ala Leu Gln Asp Phe Lys Glu Gly
175 180 185

aat gcc atc ttc acc ttc cca aat act cca gtg aag tgt gct gga gcc 688
Asn Ala Ile Phe Thr Phe Pro Asn Thr Pro Val Lys Cys Ala Gly Ala
190 195 200

cct cag aag atc atg tac tta tca gaa gcc tac ttc agg aag aca ggg	736
Pro Gln Lys Ile Met Tyr Leu Ser Glu Ala Tyr Phe Arg Lys Thr Gly	
205 210 215 220	
aag cga tcc aag gcc aat atc att ttc aac act tct ctt gga gcc att	784
Lys Arg Ser Lys Ala Asn Ile Ile Phe Asn Thr Ser Leu Gly Ala Ile	
225 230 235	
tcc ggg gtt aag aag tat gca gat gcc ctg cag gag atc atc cag gag	832
Phe Gly Val Lys Lys Tyr Ala Asp Ala Leu Gln Glu Ile Ile Gln Glu	
240 245 250	
cgg aac ctc act gtt aac tac aag aaa aac ctc att gaa gtc cga gcc	880
Arg Asn Leu Thr Val Asn Tyr Lys Lys Asn Leu Ile Glu Val Arg Ala	
255 260 265	
gat aaa caa gag gct gta ttt gag aac ctg gac aaa cca gga gag acc	928
Asp Lys Gln Glu Ala Val Phe Glu Asn Leu Asp Lys Pro Gly Glu Thr	
270 275 280	
caa gtg att tca tat gaa atg ctt cat gtc aca cct cca atg agc cca	976
Gln Val Ile Ser Tyr Glu Met Leu His Val Thr Pro Pro Met Ser Pro	
285 290 295 300	
cca gat gtc ctc aag acc agt cct gtg gct gat gct gct ggt tgg gtg	1024
Pro Asp Val Leu Lys Thr Ser Pro Val Ala Asp Ala Ala Gly Trp Val	
305 310 315	
gat gtg gat aaa gaa act ctg caa cac agg agg tac cca aat gtg ttt	1072
Asp Val Asp Lys Glu Thr Leu Gln His Arg Arg Tyr Pro Asn Val Phe	
320 325 330	
ggg att ggg gac tgc acc aac ctt cct acg tca aag acc gct gct gca	1120
Gly Ile Gly Asp Cys Thr Asn Leu Pro Thr Ser Lys Thr Ala Ala Ala	
335 340 345	
gta gct gcc cag tca gga ata ctt gat agg aca att tct gta att atg	1168
Val Ala Ala Gln Ser Gly Ile Leu Asp Arg Thr Ile Ser Val Ile Met	
350 355 360	
aag aat caa aca cca aca aag aag tat gat ggc tac aca tca tgt cca	1216
Lys Asn Gln Thr Pro Thr Lys Lys Tyr Asp Gly Tyr Thr Ser Cys Pro	
365 370 375 380	
ctg gtg acc ggc tac aac cgt gtg att ctt gct gag ttt gac tac aaa	1264
Leu Val Thr Gly Tyr Asn Arg Val Ile Leu Ala Glu Phe Asp Tyr Lys	
385 390 395	
gca gag ccg cta gaa acc ttc ccc ttt gat caa agc aaa gag cgc ctt	1312

Ala Glu Pro Leu Glu Thr Phe Pro Phe Asp Gln Ser Lys Glu Arg Leu
400 405 410

tcc atg tat ctc atg aaa gct gac ctg atg cct ttc ctg tat tgg aat 1360
Ser Met Tyr Leu Met Lys Ala Asp Leu Met Pro Phe Leu Tyr Trp Asn
415 420 425

atg atg cta agg ggt tac tgg gga gga cca gcg ttt ctg cgc aag ttg 1408
Met Met Leu Arg Gly Tyr Trp Gly Gly Pro Ala Phe Leu Arg Lys Leu
430 435 440

ttt cat cta ggt atg agt taa ggatggctca gcacttgctc atcttggatg 1459
Phe His Leu Gly Met Ser
445 450

gc tt ctgggc caaaactgca gtcactgaat gaccaagagc agcacgaagg acttggacc 1519

tatccttgta aagagttcct tcatggtaa tggtgaccaa atgcctccct tttcagtacc 1579

tttgaacagc aaccatgtgg gctactcatg atgggcttga ttctttggaa ataataaaat 1639

gaaataatac ttttatttc tgaataaaag tttgtcactg aaaaaaaaaaaa 1690

<210> 12

<211> 450

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 12

Met Val Pro Leu Val Ala Val Val Ser Gly Pro Arg Ala Gln Leu Phe
1 5 10 15

Ala Cys Leu Leu Arg Leu Gly Thr Gln Gln Val Gly Pro Leu Gln Leu
20 25 30

His Thr Gly Ala Ser His Ala Ala Arg Asn His Tyr Glu Val Leu Val
35 40 45

Leu Gly Gly Ser Gly Gly Ile Thr Met Ala Ala Arg Met Lys Arg
50 55 60

Lys Val Gly Ala Glu Asn Val Ala Ile Val Glu Pro Ser Glu Arg His
65 70 75 80

Phe Tyr Gln Pro Ile Trp Thr Leu Val Gly Ala Gly Ala Lys Gln Leu
85 90 95

Ser Ser Ser Gly Arg Pro Thr Ala Ser Val Ile Pro Ser Gly Val Glu
100 105 110

Trp Ile Lys Ala Arg Val Thr Glu Leu Asn Pro Asp Lys Asn Cys Ile
115 120 125

His Thr Asp Asp Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Arg Tyr Leu Ile Ile Ala
130 135 140

Leu Gly Ile Gln Leu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Gly Leu Pro Glu Gly
145 150 155 160

Phe Ala His Pro Lys Ile Gly Ser Asn Tyr Ser Val Lys Thr Val Glu
165 170 175

Lys Thr Trp Lys Ala Leu Gln Asp Phe Lys Glu Gly Asn Ala Ile Phe
180 185 190

Thr Phe Pro Asn Thr Pro Val Lys Cys Ala Gly Ala Pro Gln Lys Ile
195 200 205

Met Tyr Leu Ser Glu Ala Tyr Phe Arg Lys Thr Gly Lys Arg Ser Lys
210 215 220

Ala Asn Ile Ile Phe Asn Thr Ser Leu Gly Ala Ile Phe Gly Val Lys
225 230 235 240

Lys Tyr Ala Asp Ala Leu Gln Glu Ile Ile Gln Glu Arg Asn Leu Thr
245 250 255

Val Asn Tyr Lys Lys Asn Leu Ile Glu Val Arg Ala Asp Lys Gln Glu
260 265 270

Ala Val Phe Glu Asn Leu Asp Lys Pro Gly Glu Thr Gln Val Ile Ser

275

280

285

Tyr Glu Met Leu His Val Thr Pro Pro Met Ser Pro Pro Asp Val Leu
 290 295 300

Lys Thr Ser Pro Val Ala Asp Ala Ala Gly Trp Val Asp Val Asp Lys
 305 310 315 320

Glu Thr Leu Gln His Arg Arg Tyr Pro Asn Val Phe Gly Ile Gly Asp
 325 330 335

Cys Thr Asn Leu Pro Thr Ser Lys Thr Ala Ala Ala Val Ala Ala Gln
 340 345 350

Ser Gly Ile Leu Asp Arg Thr Ile Ser Val Ile Met Lys Asn Gln Thr
 355 360 365

Pro Thr Lys Lys Tyr Asp Gly Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Val Thr Gly
 370 375 380

Tyr Asn Arg Val Ile Leu Ala Glu Phe Asp Tyr Lys Ala Glu Pro Leu
 385 390 395 400

Glu Thr Phe Pro Phe Asp Gln Ser Lys Glu Arg Leu Ser Met Tyr Leu
 405 410 415

Met Lys Ala Asp Leu Met Pro Phe Leu Tyr Trp Asn Met Met Leu Arg
 420 425 430

Gly Tyr Trp Gly Gly Pro Ala Phe Leu Arg Lys Leu Phe His Leu Gly
 435 440 445

Met Ser
 450

<210> 13
 <211> 2593
 <212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49)..(2259)

<223>

<400> 13

ggccagcgcg tctgcttgtt cgtgtgtgt tcgttgcagg ccattatc atg ggc tca 57
Met Gly Ser
1

ccg ctg agg ttc gac ggg cgg gtg gta ctg gtc acc ggc gcg ggg gca 105
Pro Leu Arg Phe Asp Gly Arg Val Val Leu Val Thr Gly Ala Gly Ala
5 10 15

gaa ttg ggc cga gcc tat gcc ctg gct ttt gca gaa aga gga gcg tta 153
Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Ala Leu Ala Phe Ala Glu Arg Gly Ala Leu
20 25 30 35

gtt gtt gtg aat gat ttg gga ggg gac ttc aaa gga gtt ggt aaa ggc 201
Val Val Val Asn Asp Leu Gly Gly Asp Phe Lys Gly Val Gly Lys Gly
40 45 50

tcc tta gct gct gat aag gtt gtt gaa gaa ata aga agg aga ggt gga 249
Ser Leu Ala Ala Asp Lys Val Val Glu Glu Ile Arg Arg Arg Gly Gly
55 60 65

aaa gca gtg gcc aac tat gat tca gtg gaa gaa gga gag aag gtt gtg 297
Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Glu Gly Glu Lys Val Val
70 75 80

aag aca gcc cts gat gct ttt gga aga ata gat gtt gtg gtc aac aat 345
Lys Thr Ala Leu Asp Ala Phe Gly Arg Ile Asp Val Val Val Asn Asn
85 90 95

gct gga att ctg agg gat cgt tcc ttt gct agg ata agt gat gaa gac 393
Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Phe Ala Arg Ile Ser Asp Glu Asp
100 105 110 115

tgg gat ata atc cac aga gtt cat ttg cgg ggt tca ttc caa gtg aca 441
Trp Asp Ile Ile His Arg Val His Leu Arg Gly Ser Phe Gln Val Thr
120 125 130

cgg gca gca tgg gaa cac atg aag aaa cag aag tat gga agg att att 489
Arg Ala Ala Trp Glu His Met Lys Lys Gln Lys Tyr Gly Arg Ile Ile
135 140 145

atg act tca tca gct tca gga ata tat ggc aac ttt ggc cag gcc aat 537
Met Thr Ser Ser Ala Ser Gly Ile Tyr Gly Asn Phe Gly Gln Ala Asn

150

155

160

tat	agt	gct	gca	aag	ttg	ggt	ctt	ctg	ggc	ctt	gca	aat	tct	ctt	gca	585
Tyr	Ser	Ala	Ala	Lys	Leu	Gly	Leu	Leu	Gly	Leu	Ala	Asn	Ser	Leu	Ala	
165					170					175						
att	gaa	ggc	agg	aaa	agc	aac	att	cat	tgt	aac	acc	att	gct	cct	aat	633
Ile	Glu	Gly	Arg	Lys	Ser	Asn	Ile	His	Cys	Asn	Thr	Ile	Ala	Pro	Asn	
180					185					190					195	
gcg	gga	tca	cgg	atg	act	cag	aca	gtt	atg	cct	gaa	gat	ctt	gtg	gaa	681
Ala	Gly	Ser	Arg	Met	Thr	Gln	Thr	Val	Met	Pro	Glu	Asp	Leu	Val	Glu	
200					205					210						
gcc	ctg	aag	cca	gag	tat	gtg	gca	cct	ctt	gtc	ctt	tgg	ctt	tgt	cac	729
Ala	Leu	Lys	Pro	Glu	Tyr	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Leu	Trp	Leu	Cys	His	
215					220					225						
gag	agt	tgt	gag	gag	aat	ggt	ggc	ttg	ttt	gag	gtt	gga	gca	gga	tgg	777
Glu	Ser	Cys	Glu	Glu	Asn	Gly	Gly	Leu	Phe	Glu	Val	Gly	Ala	Gly	Trp	
230			235							240						
att	gga	aaa	tta	cgc	tgg	gag	cg	act	ctt	gga	gct	att	gta	aga	caa	825
Ile	Gly	Lys	Leu	Arg	Trp	Glu	Arg	Thr	Leu	Gly	Ala	Ile	Val	Arg	Gln	
245			250						255							
aag	aat	cac	cca	atg	act	cct	gag	gca	gtc	aag	gct	aac	tgg	aag	aag	873
Lys	Asn	His	Pro	Met	Thr	Pro	Glu	Ala	Val	Lys	Ala	Asn	Trp	Lys	Lys	
260			265						270				275			
atc	tgt	gac	ttt	gag	aat	gcc	agc	aag	cct	cag	agt	atc	caa	gaa	tca	921
Ile	Cys	Asp	Phe	Glu	Asn	Ala	Ser	Lys	Pro	Gln	Ser	Ile	Gln	Glu	Ser	
280					285							290				
act	ggc	agt	ata	att	gaa	gtt	ctg	agt	aaa	ata	gat	tca	gaa	gga	gga	969
Thr	Gly	Ser	Ile	Ile	Glu	Val	Leu	Ser	Lys	Ile	Asp	Ser	Glu	Gly	Gly	
295					300						305					
gtt	tca	gca	aat	cat	act	agt	cgt	gca	acg	tct	aca	gca	aca	tca	gga	1017
Val	Ser	Ala	Asn	His	Thr	Ser	Arg	Ala	Thr	Ser	Thr	Ala	Thr	Ser	Gly	
310					315						320					
ttt	gct	gga	gct	att	ggc	cag	aaa	ctc	cct	cca	ttt	tct	tat	gct	tat	1065
Phe	Ala	Gly	Ala	Ile	Gly	Gln	Lys	Leu	Pro	Pro	Phe	Ser	Tyr	Ala	Tyr	
325					330					335						
acg	gaa	ctg	gaa	gct	att	atg	tat	gcc	ctt	gga	gtg	gga	gcg	tca	atc	1113
Thr	Glu	Leu	Glu	Ala	Ile	Met	Tyr	Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Ser	Ile	
340					345					350			355			

aag gat cca aaa gat ttg aaa ttt att tat gaa gga agt tct gat ttc		1161
Lys Asp Pro Lys Asp Leu Lys Phe Ile Tyr Glu Gly Ser Ser Asp Phe		
360	365	370
tcc tgt ttg ccc acc ttc gga gtt atc ata ggt cag aaa tct atg atg		1209
Ser Cys Leu Pro Thr Phe Gly Val Ile Ile Gly Gln Lys Ser Met Met		
375	380	385
ggg gga gga tta gca gaa att cct gga ctt tca atc aac ttt gca aag		1257
Gly Gly Gly Leu Ala Glu Ile Pro Gly Leu Ser Ile Asn Phe Ala Lys		
390	395	400
gtt ctt cat gga gag cag tac tta gag tta tat aaa cca ctt ccc aga		1305
Val Leu His Gly Glu Gln Tyr Leu Glu Leu Tyr Lys Pro Leu Pro Arg		
405	410	415
gca gga aaa tta aaa tgt gaa gca gtt gtt gct gat gtc cta gat aaa		1353
Ala Gly Lys Leu Lys Cys Glu Ala Val Val Ala Asp Val Leu Asp Lys		
420	425	430
435		
gga tcc ggt gta gtg att att atg gat gtc tat tct tat tct gag aag		1401
Gly Ser Gly Val Val Ile Ile Met Asp Val Tyr Ser Tyr Ser Glu Lys		
440	445	450
gaa ctt ata tgc cac aat cag ttc tct ctc ttt ctt gtt ggc tct gga		1449
Glu Leu Ile Cys His Asn Gln Phe Ser Leu Phe Leu Val Gly Ser Gly		
455	460	465
ggc ttt ggt gga aaa cgg aca tca gac aaa gtc aag gta gct gta gcc		1497
Gly Phe Gly Gly Lys Arg Thr Ser Asp Lys Val Lys Val Ala Val Ala		
470	475	480
485		
ata cct aat aga cct cct gat gct gta ctt aca gat acc acc tct ctt		1545
Ile Pro Asn Arg Pro Pro Asp Ala Val Leu Thr Asp Thr Thr Ser Leu		
490	495	
aat cag gct gct ttg tac cgc ctc agt gga gac tgg aat ccc tta cac		1593
Asn Gln Ala Ala Leu Tyr Arg Leu Ser Gly Asp Trp Asn Pro Leu His		
500	505	510
515		
att gat cct aac ttt gct agt cta gca ggt ttt gac aag ccc ata tta		1641
Ile Asp Pro Asn Phe Ala Ser Leu Ala Gly Phe Asp Lys Pro Ile Leu		
520	525	530
cat gga tta tgt aca ttt gga ttt tct gcc agg cgt gtg tta cag cag		1689
His Gly Leu Cys Thr Phe Gly Phe Ser Ala Arg Arg Val Leu Gln Gln		
535	540	545
ttt gca gat aat gat gtg tca aga ttc aag gca att aag gct cgt ttt		1737
Phe Ala Asp Asn Asp Val Ser Arg Phe Lys Ala Ile Lys Ala Arg Phe		

550

555

560

gca aaa cca gta tat cca gga caa act cta caa act gag atg tgg aag 1785
 Ala Lys Pro Val Tyr Pro Gly Gln Thr Leu Gln Thr Glu Met Trp Lys
 565 570 575

gaa gga aac aga att cat ttt caa acc aag gtc caa gaa act gga gac 1833
 Glu Gly Asn Arg Ile His Phe Gln Thr Lys Val Gln Glu Thr Gly Asp
 580 585 590 595

att gtc att tca aat gca tat gtg gat ctt gca cca aca tct ggt act 1881
 Ile Val Ile Ser Asn Ala Tyr Val Asp Leu Ala Pro Thr Ser Gly Thr
 600 605 610

tca gct aag aca ccc tct gag ggc ggg aag ctt cag agt acc ttt gta 1929
 Ser Ala Lys Thr Pro Ser Glu Gly Gly Lys Leu Gln Ser Thr Phe Val
 615 620 625

ttt gag gaa ata gga cgc cgc cta aag gat att ggg cct gag gtg gtg 1977
 Phe Glu Glu Ile Gly Arg Arg Leu Lys Asp Ile Gly Pro Glu Val Val
 630 635 640

aag aaa gta aat gct gta ttt gag tgg cat ata acc aaa ggc gga aat 2025
 Lys Lys Val Asn Ala Val Phe Glu Trp His Ile Thr Lys Gly Gly Asn
 645 650 655

att ggg gct aag tgg act att gac ctg aaa agt ggt tct gga aaa gtg 2073
 Ile Gly Ala Lys Trp Thr Ile Asp Leu Lys Ser Gly Ser Gly Lys Val
 660 665 670 675

tac caa ggc cct gca aaa ggt gct gct gat aca aca atc ata ctt tca 2121
 Tyr Gln Gly Pro Ala Lys Gly Ala Ala Asp Thr Thr Ile Ile Leu Ser
 680 685 690

gat gaa gat ttc atg gag gtc ctg ggc aag ctt gac cct cag aag 2169
 Asp Glu Asp Phe Met Glu Val Val Leu Gly Lys Leu Asp Pro Gln Lys
 695 700 705

gca ttc ttt agt ggc agg ctg aag gcc aga ggg aac atc atg ctg agc 2217
 Ala Phe Phe Ser Gly Arg Leu Lys Ala Arg Gly Asn Ile Met Leu Ser
 710 715 720

cag aaa ctt cag atg att ctt aaa gac tac gcc aag ctc tga 2259
 Gln Lys Leu Gln Met Ile Leu Lys Asp Tyr Ala Lys Leu
 725 730 735

agggcacact acactattaa taaaaatgga atcattaaat actctttca cccaaatatg 2319

cttgattatt ctgcaaaagt gattagaact aagatgcagg ggaaattgct taacatttc 2379

agatatacaga taactgcaga ttttcatttt ctactaatcc tcatgtatca ttatTTTAC 2439

aaggaaactat atataagcta gcacatgatt atccttctgt tccttagatct gtatTTTCA 2499

aataaaaaat ttggcccaag tcctgtttcc tttagaatttg tgatagcatt gataagttga 2559

aaggaaaatt aaatcaataa aggccTTTGA tacc 2593

<210> 14

<211> 736

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 14

Met Gly Ser Pro Leu Arg Phe Asp Gly Arg Val Val Leu Val Thr Gly
1 5 10 15

Ala Gly Ala Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Ala Leu Ala Phe Ala Glu Arg
20 25 30

Gly Ala Leu Val Val Val Asn Asp Leu Gly Gly Asp Phe Lys Gly Val
35 40 45

Gly Lys Gly Ser Leu Ala Ala Asp Lys Val Val Glu Glu Ile Arg Arg
50 55 60

Arg Gly Gly Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Glu Gly Glu
65 70 75 80

Lys Val Val Lys Thr Ala Leu Asp Ala Phe Gly Arg Ile Asp Val Val
85 90 95

Val Asn Asn Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Phe Ala Arg Ile Ser
100 105 110

Asp Glu Asp Trp Asp Ile Ile His Arg Val His Leu Arg Gly Ser Phe
115 120 125

Gln Val Thr Arg Ala Ala Trp Glu His Met Lys Lys Gln Lys Tyr Gly
130 135 140

Arg Ile Ile Met Thr Ser Ser Ala Ser Gly Ile Tyr Gly Asn Phe Gly
145 150 155 160

Gln Ala Asn Tyr Ser Ala Ala Lys Leu Gly Leu Leu Gly Leu Ala Asn
165 170 175

Ser Leu Ala Ile Glu Gly Arg Lys Ser Asn Ile His Cys Asn Thr Ile
180 185 190

Ala Pro Asn Ala Gly Ser Arg Met Thr Gln Thr Val Met Pro Glu Asp
195 200 205

Leu Val Glu Ala Leu Lys Pro Glu Tyr Val Ala Pro Leu Val Leu Trp
210 215 220

Leu Cys His Glu Ser Cys Glu Glu Asn Gly Gly Leu Phe Glu Val Gly
225 230 235 240

Ala Gly Trp Ile Gly Lys Leu Arg Trp Glu Arg Thr Leu Gly Ala Ile
245 250 255

Val Arg Gln Lys Asn His Pro Met Thr Pro Glu Ala Val Lys Ala Asn
260 265 270

Trp Lys Lys Ile Cys Asp Phe Glu Asn Ala Ser Lys Pro Gln Ser Ile
275 280 285

Gln Glu Ser Thr Gly Ser Ile Ile Glu Val Leu Ser Lys Ile Asp Ser
290 295 300

Glu Gly Gly Val Ser Ala Asn His Thr Ser Arg Ala Thr Ser Thr Ala
305 310 315 320

Thr Ser Gly Phe Ala Gly Ala Ile Gly Gln Lys Leu Pro Pro Phe Ser
325 330 335

Tyr Ala Tyr Thr Glu Leu Glu Ala Ile Met Tyr Ala Leu Gly Val Gly
340 345 350

Ala Ser Ile Lys Asp Pro Lys Asp Leu Lys Phe Ile Tyr Glu Gly Ser
355 360 365

Ser Asp Phe Ser Cys Leu Pro Thr Phe Gly Val Ile Ile Gly Gln Lys
370 375 380

Ser Met Met Gly Gly Leu Ala Glu Ile Pro Gly Leu Ser Ile Asn
385 390 395 400

Phe Ala Lys Val Leu His Gly Glu Gln Tyr Leu Glu Leu Tyr Lys Pro
405 410 415

Leu Pro Arg Ala Gly Lys Leu Lys Cys Glu Ala Val Val Ala Asp Val
420 425 430

Leu Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ile Ile Met Asp Val Tyr Ser Tyr
435 440 445

Ser Glu Lys Glu Leu Ile Cys His Asn Gln Phe Ser Leu Phe Leu Val
450 455 460

Gly Ser Gly Gly Phe Gly Gly Lys Arg Thr Ser Asp Lys Val Lys Val
465 470 475 480

Ala Val Ala Ile Pro Asn Arg Pro Pro Asp Ala Val Leu Thr Asp Thr
485 490 495

Thr Ser Leu Asn Gln Ala Ala Leu Tyr Arg Leu Ser Gly Asp Trp Asn
500 505 510

Pro Leu His Ile Asp Pro Asn Phe Ala Ser Leu Ala Gly Phe Asp Lys
515 520 525

Pro Ile Leu His Gly Leu Cys Thr Phe Gly Phe Ser Ala Arg Arg Val
530 535 540

Leu Gln Gln Phe Ala Asp Asn Asp Val Ser Arg Phe Lys Ala Ile Lys
545 550 555 560

Ala Arg Phe Ala Lys Pro Val Tyr Pro Gly Gln Thr Leu Gln Thr Glu
565 570 575

Met Trp Lys Glu Gly Asn Arg Ile His Phe Gln Thr Lys Val Gln Glu
580 585 590

Thr Gly Asp Ile Val Ile Ser Asn Ala Tyr Val Asp Leu Ala Pro Thr
595 600 605

Ser Gly Thr Ser Ala Lys Thr Pro Ser Glu Gly Gly Lys Leu Gln Ser
610 615 620

Thr Phe Val Phe Glu Glu Ile Gly Arg Arg Leu Lys Asp Ile Gly Pro
625 630 635 640

Gl u Val Val Lys Lys Val Asn Ala Val Phe Glu Trp His Ile Thr Lys
645 650 655

Gly Gly Asn Ile Gly Ala Lys Trp Thr Ile Asp Leu Lys Ser Gly Ser
660 665 670

Gly Lys Val Tyr Gln Gly Pro Ala Lys Gly Ala Ala Asp Thr Thr Ile
675 680 685

Ile Leu Ser Asp Glu Asp Phe Met Glu Val Val Leu Gly Lys Leu Asp
690 695 700

Pro Gln Lys Ala Phe Phe Ser Gly Arg Leu Lys Ala Arg Gly Asn Ile
705 710 715 720

Met Leu Ser Gln Lys Leu Gln Met Ile Leu Lys Asp Tyr Ala Lys Leu
725 730 735

<210> 15
<211> 2113
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (63)..(1694)
<223>

<400> 15
gtgcggttgg gaacgcggag cggacggatt cgattcaacg gggttccgga ccgcgtgcg 60
ctatggaggcaggtc aatggactg aagggaaaggc aac aag gccctg 107
Met Glu Gln Val Asn Glu Leu Lys Glu Lys Gly Asn Lys Ala Leu
1 5 10 15
agcgtggtaacatcgatgatgcc tta cag tgc tac tcc gaa gct att 155
Ser Val Gly Asn Ile Asp Asp Ala Leu Gln Cys Tyr Ser Glu Ala Ile
20 25 30
aaggctg gatccc cac aac cac gtg ctg tac agc aac cgt tct gct gcc 203
Lys Leu Asp Pro His Asn His Val Leu Tyr Ser Asn Arg Ser Ala Ala
35 40 45
tatgcc aagaaa gga gac tac cag aag gct tat gag gat ggc tgc aag 251
Tyr Ala Lys Lys Gly Asp Tyr Gln Lys Ala Tyr Glu Asp Gly Cys Lys
50 55 60
actgtc gaccta aag cct gac tgg ggc aag ggc tat tca cga aaa gca 299
Thr Val Asp Leu Lys Pro Asp Trp Gly Lys Gly Tyr Ser Arg Lys Ala
65 70 75
gca gct cta gag ttc tta aac cgc ttt gaa gaa gcc aag cga acc tat 347
Ala Ala Leu Glu Phe Leu Asn Arg Phe Glu Glu Ala Lys Arg Thr Tyr
80 85 90 95
gaggaggc tta aaa cac gag gca aat aac cct caa ctg aaa gag ggt 395
Glu Glu Gly Leu Lys His Glu Ala Asn Asn Pro Gln Leu Lys Glu Gly
100 105 110
ttacag aat atg gag gcc agg ttg gca gag aga aaa ttc atg aac cct 443
Leu Gln Asn Met Glu Ala Arg Leu Ala Glu Arg Lys Phe Met Asn Pro
115 120 125
ttcacatgcct aatctgtatcag aagttggag agtagt gatcccaggaca 491
Phe Asn Met Pro Asn Leu Tyr Gln Lys Leu Glu Ser Asp Pro Arg Thr
130 135 140
aggaca cta ctc agt gat cct acc tac cgg gag ctg ata gag cag cta 539

Arg	Thr	Leu	Leu	Ser	Asp	Pro	Thr	Tyr	Arg	Glu	Leu	Ile	Glu	Gln	Leu	
145						150				155						
cga	aac	aag	cct	tct	gac	ctg	ggc	acg	aaa	cta	caa	gat	ccc	cgg	atc	587
Arg	Asn	Lys	Pro	Ser	Asp	Leu	Gly	Thr	Lys	Leu	Gln	Asp	Pro	Arg	Ile	
160						165				170					175	
atg	acc	act	ctc	agc	gtc	ctc	ctt	ggg	gtc	gat	ctg	ggc	agt	atg	gat	635
Met	Thr	Thr	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Leu	Gly	Ser	Met	Asp	
						180			185					190		
gag	gag	gaa	gag	att	gca	aca	cct	cca	cca	cca	ccc	cct	ccc	aaa	aag	683
Glu	Glu	Glu	Glu	Ile	Ala	Thr	Pro	Lys	Lys							
						195			200					205		
gag	acc	aag	cca	gag	cca	atg	gaa	gaa	gat	ctt	cca	gag	aat	aag	aag	731
Glu	Thr	Lys	Pro	Glu	Pro	Met	Glu	Glu	Asp	Leu	Pro	Glu	Asn	Lys	Lys	
						210			215					220		
cag	gca	ctg	aaa	gaa	aaa	gag	ctg	ggg	aac	gat	gcc	tac	aag	aag	aaa	779
Gln	Ala	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Leu	Gly	Asn	Asp	Ala	Tyr	Lys	Lys	Lys	
						225			230					235		
gac	ttt	gac	aca	gcc	ttg	aag	cat	tac	gac	aaa	gcc	aag	gag	ctg	gac	827
Asp	Phe	Asp	Thr	Ala	Leu	Lys	His	Tyr	Asp	Lys	Ala	Lys	Glu	Leu	Asp	
						240			245					250		255
ccc	act	aac	atg	act	tac	att	acc	aat	caa	gca	gcg	gtt	tac	ttt	gaa	875
Pro	Thr	Asn	Met	Thr	Tyr	Ile	Thr	Asn	Gln	Ala	Ala	Val	Tyr	Phe	Glu	
						260			265					270		
aag	ggc	gac	tac	aat	aag	tgc	cgg	gag	ctt	tgt	gag	aag	gcc	att	gaa	923
Lys	Gly	Asp	Tyr	Asn	Lys	Cys	Arg	Glu	Leu	Cys	Glu	Lys	Ala	Ile	Glu	
						275			280					285		
gtg	ggg	aga	gaa	aac	cga	gaa	gac	tat	cga	cag	att	gcc	aaa	gca	tat	971
Val	Gly	Arg	Glu	Asn	Arg	Glu	Asp	Tyr	Arg	Gln	Ile	Ala	Lys	Ala	Tyr	
						290			295					300		
gct	cga	att	ggc	aac	tcc	tac	ttc	aaa	gaa	gaa	aag	tac	aag	gat	gcc	1019
Ala	Arg	Ile	Gly	Asn	Ser	Tyr	Phe	Lys	Glu	Glu	Lys	Tyr	Lys	Asp	Ala	
						305			310					315		
atc	cat	ttc	tat	aac	aag	tct	ctg	gca	gag	cac	cga	acc	cca	gat	gtg	1067
Ile	His	Phe	Tyr	Asn	Lys	Ser	Leu	Ala	Glu	His	Arg	Thr	Pro	Asp	Val	
						320			325					330		335
ctc	aag	aaa	tgc	cag	cag	gca	gag	aaa	atc	ctg	aag	gag	caa	gag	cgg	1115
Leu	Lys	Lys	Cys	Gln	Gln	Ala	Glu	Lys	Ile	Leu	Lys	Glu	Gln	Glu	Arg	
						340			345					350		

ggaccgcggc	gaggcagcacg	gagcggaagg	gagagcaggg	gagagaaggc	ctcatcttc	1804
tatattata	cataaccccg	gggaagacac	agagacttgt	acctgcgcgt	tttgtgccgc	1864
cgctgcctct	ggccctccc	agcacacgca	tggtctcttc	accgctgccc	tcgagttcca	1924
tgtctcttcc	ccctgccccct	agttgctgtc	tcggctgctc	tcccatagtt	ggtttttttt	1984
ttatgggg	cagtggcat	gttatggga	ggggaggggg	ttttccagc	ctcaggcccc	2044
agctgtctca	cgttgttat	tctgcgtccc	tttctccaaat	aaaacaagcc	agttggcggt	2104
ggttataaac						2113

<210> 16
 <211> 543
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 16

Met	Glu	Gln	Val	Asn	Glu	Leu	Lys	Glu	Lys	Gly	Asn	Lys	Ala	Leu	Ser
1					5				10					15	

Val	Gly	Asn	Ile	Asp	Asp	Ala	Leu	Gln	Cys	Tyr	Ser	Glu	Ala	Ile	Lys
			20					25				30			

Leu	Asp	Pro	His	Asn	His	Val	Leu	Tyr	Ser	Asn	Arg	Ser	Ala	Ala	Tyr
						35			40			45			

Ala	Lys	Lys	Gly	Asp	Tyr	Gln	Lys	Ala	Tyr	Glu	Asp	Gly	Cys	Lys	Thr
						50			55			60			

Val	Asp	Leu	Lys	Pro	Asp	Trp	Gly	Lys	Gly	Tyr	Ser	Arg	Lys	Ala	Ala
65						70			75				80		

Ala	Leu	Glu	Phe	Leu	Asn	Arg	Phe	Glu	Glu	Ala	Lys	Arg	Thr	Tyr	Glu
							85		90				95		

Glu	Gly	Leu	Lys	His	Glu	Ala	Asn	Asn	Pro	Gln	Leu	Lys	Glu	Gly	Leu
									105				110		

Gln Asn Met Glu Ala Arg Leu Ala Glu Arg Lys Phe Met Asn Pro Phe
115 120 125

Asn Met Pro Asn Leu Tyr Gln Lys Leu Glu Ser Asp Pro Arg Thr Arg
130 135 140

Thr Leu Leu Ser Asp Pro Thr Tyr Arg Glu Leu Ile Glu Gln Leu Arg
145 150 155 160

Asn Lys Pro Ser Asp Leu Gly Thr Lys Leu Gln Asp Pro Arg Ile Met
165 170 175

Thr Thr Leu Ser Val Leu Leu Gly Val Asp Leu Gly Ser Met Asp Glu
180 185 190

Glu Glu Glu Ile Ala Thr Pro Pro Pro Pro Pro Pro Lys Lys Glu
195 200 205

Thr Lys Pro Glu Pro Met Glu Glu Asp Leu Pro Glu Asn Lys Lys Gln
210 215 220

Ala Leu Lys Glu Lys Glu Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Lys Lys Lys Asp
225 230 235 240

Phe Asp Thr Ala Leu Lys His Tyr Asp Lys Ala Lys Glu Leu Asp Pro
245 250 255

Thr Asn Met Thr Tyr Ile Thr Asn Gln Ala Ala Val Tyr Phe Glu Lys
260 265 270

Gly Asp Tyr Asn Lys Cys Arg Glu Leu Cys Glu Lys Ala Ile Glu Val
275 280 285

Gly Arg Glu Asn Arg Glu Asp Tyr Arg Gln Ile Ala Lys Ala Tyr Ala
290 295 300

Arg Ile Gly Asn Ser Tyr Phe Lys Glu Glu Lys Tyr Lys Asp Ala Ile

305

310

315

320

His Phe Tyr Asn Lys Ser Leu Ala Glu His Arg Thr Pro Asp Val Leu
325 330 335

Lys Lys Cys Gln Gln Ala Glu Lys Ile Leu Lys Glu Gln Glu Arg Leu
340 345 350

Ala Tyr Ile Asn Pro Asp Leu Ala Leu Glu Glu Lys Asn Lys Gly Asn
355 360 365

Glu Cys Phe Gln Lys Gly Asp Tyr Pro Gln Ala Met Lys His Tyr Thr
370 375 380

Glu Ala Ile Lys Arg Asn Pro Lys Asp Ala Lys Leu Tyr Ser Asn Arg
385 390 395 400

Ala Ala Cys Tyr Thr Lys Leu Leu Glu Phe Gln Leu Ala Leu Lys Asp
405 410 415

Cys Glu Glu Cys Ile Gln Leu Glu Pro Thr Phe Ile Lys Gly Tyr Thr
420 425 430

Arg Lys Ala Ala Ala Leu Glu Ala Met Lys Asp Tyr Thr Lys Ala Met
435 440 445

Asp Val Tyr Gln Lys Ala Leu Asp Leu Asp Ser Ser Cys Lys Glu Ala
450 455 460

Ala Asp Gly Tyr Gln Arg Cys Met Met Ala Gln Tyr Asn Arg His Asp
465 470 475 480

Ser Pro Glu Asp Val Lys Arg Arg Ala Met Ala Asp Pro Glu Val Gln
485 490 495

Gln Ile Met Ser Asp Pro Ala Met Arg Leu Ile Leu Glu Gln Met Gln
500 505 510

Lys Asp Pro Gln Ala Leu Ser Glu His Leu Lys Asn Pro Val Ile Ala
515 520 525

Gln Lys Ile Gln Lys Leu Met Asp Val Gly Leu Ile Ala Ile Arg
530 535 540

<210> 17

<211> 2033

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (29)..(1705)

<223>

<400> 17

ggacgagcag cggaggcggt cgggagcg atg gtg aag atg gcg gcg gcg ggc
Met Val Lys Met Ala Ala Ala Gly
1 5

g gc g ga g gc g gc g gt g gc c gc tac tac g gc g gc g gc agt gag g gc g gc
Gly Gly Gly Gly Gly Arg Tyr Tyr Gly Gly Ser Glu Gly Gly
10 15 20

c gg g cc c ct a a g c gg c tc a a g a ct g ac a a c g cc g gc g ac c a g c a c g ga
Arg Ala Pro Lys Arg Leu Lys Thr Asp Asn Ala Gly Asp Gln His Gly
25 30 35 40

g gc g gc g gc g gt g gc g ga g ga g cc g gg g g cg g cg g gc g gc g gc g gc
Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly
45 50 55

g gt g gg g ag a a c t a c g a t g a c c c g c a c a a a c c c t g c c t c c a g tt
Gly Gly Glu Asn Tyr Asp Asp Pro His Lys Thr Pro Ala Ser Pro Val
60 65 70

g tc c a c a t c a g g g gc c t g a t t g a c g g t g t g g a a g c a g a c c t t g t g
Val His Ile Arg Gly Leu Ile Asp Gly Val Val Glu Ala Asp Leu Val
75 80 85

g a g g c c t t g c a g g a g t t g g a c c c a t c a g c t a t g t g g t g g t a a t g c c t
Glu Ala Leu Gln Glu Phe Gly Pro Ile Ser Tyr Val Val Val Met Pro
90 95 100

a a a a a g a g a c a a g c a c t g g t g g a g t t g a a g a t g t g t t g g g g c t t g c
Lys Lys Arg Gln Ala Leu Val Glu Phe Glu Asp Val Leu Gly Ala Cys

105

110

115

120

aac gca gtg aac tac gca gcc gac aac caa ata tac att gct ggt cac			436
Asn Ala Val Asn Tyr Ala Ala Asp Asn Gln Ile Tyr Ile Ala Gly His			
125	130	135	
cca gct ttt gtc aac tac tct acc agc cag aag atc tcc cgc cct ggg			484
Pro Ala Phe Val Asn Tyr Ser Thr Ser Gln Lys Ile Ser Arg Pro Gly			
140	145	150	
gac tcg gat gac tcc cgg agc gtg aac agt gtg ctt ctc ttt acc atc			532
Asp Ser Asp Asp Ser Arg Ser Val Asn Ser Val Leu Leu Phe Thr Ile			
155	160	165	
ctg aac ccc att tat tcg atc acc acg gat gtt ctt tac act atc tgt			580
Leu Asn Pro Ile Tyr Ser Ile Thr Thr Asp Val Leu Tyr Thr Ile Cys			
170	175	180	
aat cct tgt ggc cct gtc cag aga att gtc att ttc agg aag aat gga			628
Asn Pro Cys Gly Pro Val Gln Arg Ile Val Ile Phe Arg Lys Asn Gly			
185	190	195	200
gtt cag gcg atg gtg gaa ttt gac tca gtt caa agt gcc cag cgg gcc			676
Val Gln Ala Met Val Glu Phe Asp Ser Val Gln Ser Ala Gln Arg Ala			
205	210	215	
aag gcc tct ctc aat ggg gct gat atc tat tct ggc tgt tgc act ctg			724
Lys Ala Ser Leu Asn Gly Ala Asp Ile Tyr Ser Gly Cys Cys Thr Leu			
220	225	230	
aag atc gaa tac gca aag cct aca cgc ttg aat gtg ttc aag aat gat			772
Lys Ile Glu Tyr Ala Lys Pro Thr Arg Leu Asn Val Phe Lys Asn Asp			
235	240	245	
cag gat act tgg gac tac aca aac ccc aat ctc agt gga caa ggt gac			820
Gln Asp Thr Trp Asp Tyr Thr Asn Pro Asn Leu Ser Gly Gln Gly Asp			
250	255	260	
cct ggc agc aac ccc aac aaa cgc cag agg cag ccc cct ctc ctg gga			868
Pro Gly Ser Asn Pro Asn Lys Arg Gln Arg Gln Pro Pro Leu Leu Gly			
265	270	275	280
gat cac ccc gca gaa tat gga ggg ccc cac ggt ggg tac cac agc cat			916
Asp His Pro Ala Glu Tyr Gly Gly Pro His Gly Gly Tyr His Ser His			
285	290	295	
tac cat gat gag ggc tac ggg ccc ccc cca cct cac tac gaa ggg aga			964
Tyr His Asp Glu Gly Tyr Gly Pro Pro Pro His Tyr Glu Gly Arg			
300	305	310	

agg atg ggt cca cca gtg ggg ggt cac cgt cgg ggc cca agt cgc tac 1012
Arg Met Gly Pro Pro Val Gly Gly His Arg Arg Gly Pro Ser Arg Tyr
315 320 325

ggc ccc cag tat ggg cac ccc cca ccc cct ccc cca cca ccc gag tat 1060
Gly Pro Gln Tyr Gly His Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Glu Tyr
330 335 340

ggc cct cac gcc gac agc cct gtg ctc atg gtc tat ggc ttg gat caa 1108
Gly Pro His Ala Asp Ser Pro Val Leu Met Val Tyr Gly Leu Asp Gln
345 350 355 360

tct aag atg aac ggt gac cga gtc ttc aat gtc ttc tgc tta tat ggc 1156
Ser Lys Met Asn Gly Asp Arg Val Phe Asn Val Phe Cys Leu Tyr Gly
365 370 375

aat gtg gag aag gtg aaa ttc atg aaa agc aag ccg ggg gcc gcc atg 1204
Asn Val Glu Lys Val Lys Phe Met Lys Ser Lys Pro Gly Ala Ala Met
380 385 390

gtg gag atg gat ggc tac gct gta gac cgg gcc att acc cac ctc 1252
Val Glu Met Ala Asp Gly Tyr Ala Val Asp Arg Ala Ile Thr His Leu
395 400 405

aac aac aac ttc atg ttt ggg cag aag ctg aat gtc tgt gtc tcc aag 1300
Asn Asn Asn Phe Met Phe Gly Gln Lys Leu Asn Val Cys Val Ser Lys
410 415 420

cag cca gcc atc atg cct ggt cag tca tac ggg ttg gaa gac ggg tct 1348
Gln Pro Ala Ile Met Pro Gly Gln Ser Tyr Gly Leu Glu Asp Gly Ser
425 430 435 440

tgc agt tac aaa gac ttc agt gaa tcc cgg aac aat cgg ttc tcc acc 1396
Cys Ser Tyr Lys Asp Phe Ser Glu Ser Arg Asn Asn Arg Phe Ser Thr
445 450 455

cca gag cag gca gcc aag aac cgc atc cag cac ccc agc aac gtg ctg 1444
Pro Glu Gln Ala Ala Lys Asn Arg Ile Gln His Pro Ser Asn Val Leu
460 465 470

cac ttc ttc aac gcc ccg ctg gag gtg acc gag gag aac ttc ttt gag 1492
His Phe Phe Asn Ala Pro Leu Glu Val Thr Glu Glu Asn Phe Phe Glu
475 480 485

atc tgc gat gag ctg gga gtg aag cgg cca tct tct gtg aaa gta ttc 1540
Ile Cys Asp Glu Leu Gly Val Lys Arg Pro Ser Ser Val Lys Val Phe
490 495 500

tca ggc aaa agt gag cgc agc tcc tct gga ctg ctg gag tgg gaa tcc 1588
Ser Gly Lys Ser Glu Arg Ser Ser Gly Leu Leu Glu Trp Glu Ser

505

510

515

520

aag agc gat gcc ctg gag act ctg ggc ttc ctg aac cat tac cag atg 1636
 Lys Ser Asp Ala Leu Glu Thr Leu Gly Phe Leu Asn His Tyr Gln Met
 525 530 535

aaa aac cca aat ggt cca tac cct tac act ctg aag ttg tgt ttc tcc 1684
 Lys Asn Pro Asn Gly Pro Tyr Pro Tyr Thr Leu Lys Leu Cys Phe Ser
 540 545 550

act gct cag cac gcc tcc taa ttaggtgcct aggaagagtc ccatctgagc 1735
 Thr Ala Gln His Ala Ser
 555

aggaagacat ttctctttcc tttatgccat tttttgtttt tgttatggc aaaagatctt 1795

gtattccttt tttttttttt ttttttttaa atgctaggtt tgtagaggct tacttaacct 1855

taatggaaac gctggaaatc tgcaggggga gggagagggg aactgttatac tcccaagatt 1915

aaccccttcaact tttaaaaaat tattgtacat gtgatTTT ttttccgt tcatacattt 1975

tgctgccccatgtactcttg gcacatTTCA ataaaattgt ttggaaaata aacacagc 2033

<210> 18

<211> 558

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 18

Met Val Lys Met Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Tyr
 1 5 10 15

Tyr Gly Gly Ser Glu Gly Gly Arg Ala Pro Lys Arg Leu Lys Thr
 20 25 30

Asp Asn Ala Gly Asp Gln His Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly
 35 40 45

Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Glu Asn Tyr Asp Asp Pro
 50 55 60

His Lys Thr Pro Ala Ser Pro Val Val His Ile Arg Gly Leu Ile Asp
 65 70 75 80

Gly Val Val Glu Ala Asp Leu Val Glu Ala Leu Gln Glu Phe Gly Pro
85 90 95

Ile Ser Tyr Val Val Val Met Pro Lys Lys Arg Gln Ala Leu Val Glu
100 105 110

Phe Glu Asp Val Leu Gly Ala Cys Asn Ala Val Asn Tyr Ala Ala Asp
115 120 125

Asn Gln Ile Tyr Ile Ala Gly His Pro Ala Phe Val Asn Tyr Ser Thr
130 135 140

Ser Gln Lys Ile Ser Arg Pro Gly Asp Ser Asp Asp Ser Arg Ser Val
145 150 155 160

Asn Ser Val Leu Leu Phe Thr Ile Leu Asn Pro Ile Tyr Ser Ile Thr
165 170 175

Thr Asp Val Leu Tyr Thr Ile Cys Asn Pro Cys Gly Pro Val Gln Arg
180 185 190

Ile Val Ile Phe Arg Lys Asn Gly Val Gln Ala Met Val Glu Phe Asp
195 200 205

Ser Val Gln Ser Ala Gln Arg Ala Lys Ala Ser Leu Asn Gly Ala Asp
210 215 220

Ile Tyr Ser Gly Cys Cys Thr Leu Lys Ile Glu Tyr Ala Lys Pro Thr
225 230 235 240

Arg Leu Asn Val Phe Lys Asn Asp Gln Asp Thr Trp Asp Tyr Thr Asn
245 250 255

Pro Asn Leu Ser Gly Gln Gly Asp Pro Gly Ser Asn Pro Asn Lys Arg
260 265 270

Gln Arg Gln Pro Pro Leu Leu Gly Asp His Pro Ala Glu Tyr Gly Gly
275 280 285

Pro His Gly Gly Tyr His Ser His Tyr His Asp Glu Gly Tyr Gly Pro
290 295 300

Pro Pro Pro His Tyr Glu Gly Arg Arg Met Gly Pro Pro Val Gly Gly
305 310 315 320

His Arg Arg Gly Pro Ser Arg Tyr Gly Pro Gln Tyr Gly His Pro Pro
325 330 335

Pro Pro Pro Pro Pro Pro Glu Tyr Gly Pro His Ala Asp Ser Pro Val
340 345 350

Leu Met Val Tyr Gly Leu Asp Gln Ser Lys Met Asn Gly Asp Arg Val
355 360 365

Phe Asn Val Phe Cys Leu Tyr Gly Asn Val Glu Lys Val Lys Phe Met
370 375 380

Lys Ser Lys Pro Gly Ala Ala Met Val Glu Met Ala Asp Gly Tyr Ala
385 390 395 400

Val Asp Arg Ala Ile Thr His Leu Asn Asn Asn Phe Met Phe Gly Gln
405 410 415

Lys Leu Asn Val Cys Val Ser Lys Gln Pro Ala Ile Met Pro Gly Gln
420 425 430

Ser Tyr Gly Leu Glu Asp Gly Ser Cys Ser Tyr Lys Asp Phe Ser Glu
435 440 445

Ser Arg Asn Asn Arg Phe Ser Thr Pro Glu Gln Ala Ala Lys Asn Arg
450 455 460

Ile Gln His Pro Ser Asn Val Leu His Phe Phe Asn Ala Pro Leu Glu
465 470 475 480

Val Thr Glu Glu Asn Phe Phe Glu Ile Cys Asp Glu Leu Gly Val Lys
485 490 495

Arg Pro Ser Ser Val Lys Val Phe Ser Gly Lys Ser Glu Arg Ser Ser
500 505 510

Ser Gly Leu Leu Glu Trp Glu Ser Lys Ser Asp Ala Leu Glu Thr Leu
515 520 525

Gly Phe Leu Asn His Tyr Gln Met Lys Asn Pro Asn Gly Pro Tyr Pro
530 535 540

Tyr Thr Leu Lys Leu Cys Phe Ser Thr Ala Gln His Ala Ser
545 550 555

<210> 19
<211> 3465
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (219)..(2639)
<223>

<400> 19
ctcgcgccag gcgagtcgtcc gcggtctccct cgcgaactcg gtgaaaggaa ttggcgccgt 60
tgcacaccag gcggatccgc tctgcagcac gaaccatct ccagccgcag ccgcagccgc 120
cgccccggcc gagggcgcgc cgcaagcagcc gccaccatcg gccgagttag cggagccgag 180
tttgaggcag cgcttagcgg tgaatcgggg ccctcacc atg agt tcc tcg cct gtt 236
Met Ser Ser Ser Pro Val
1 5

aat gta aaa aag ctg aag gtg tcg gag ctg aaa gag gag ctc aag aag 284
Asn Val Lys Lys Leu Lys Val Ser Glu Leu Lys Glu Glu Leu Lys Lys
10 15 20

cga cgc ctt tct gac aag ggt ctc aag gcc gag ctc atg gag cga ctc 332
Arg Arg Leu Ser Asp Lys Gly Leu Lys Ala Glu Leu Met Glu Arg Leu
25 30 35

cag	gct	gcg	ctg	gac	gac	gag	gag	gcc	ggg	ggc	cgc	ccc	gcc	atg	gag		380	
Gln	Ala	Ala	Leu	Asp	Asp	Glu	Glu	Ala	Gly	Gly	Arg	Pro	Ala	Met	Glu			
40						45					50							
ccc	ggg	aac	ggc	agc	cta	gac	ctg	ggc	ggg	gat	tcc	gct	ggg	cgc	tcg		428	
Pro	Gly	Asn	Gly	Ser	Leu	Asp	Leu	Gly	Gly	Asp	Ser	Ala	Gly	Arg	Ser			
55						60				65				70				
gga	gca	ggc	ctc	gag	cag	gag	gcc	gcg	gcc	ggc	ggc	gat	gaa	gag	gag		476	
Gly	Ala	Gly	Leu	Glu	Gln	Glu	Ala	Ala	Ala	Gly	Gly	Asp	Glu	Glu	Glu			
						75				80				85				
gag	gaa	gag	gaa	gag	gag	gag	gaa	gga	atc	tcc	gct	ctg	gac	ggc	gac		524	
Gl	Gly	Ile	Ser	Ala	Leu	Asp	Gly	Asp										
						90			95				100					
cag	atg	gag	cta	gga	gag	gag	aac	ggg	gcc	gcg	ggg	gcg	gcc	gac	tcg		572	
Gln	Met	Glu	Leu	Gly	Glu	Glu	Asn	Gly	Ala	Ala	Gly	Ala	Ala	Asp	Ser			
						105			110				115					
ggc	ccg	atg	gag	gag	gag	gag	gag	gcc	gcc	tcg	gaa	gac	gag	aac	ggc	gac		620
Gly	Pro	Met	Glu	Glu	Glu	Glu	Glu	Ala	Ala	Ser	Glu	Asp	Glu	Asn	Gly	Asp		
						120			125				130					
gat	cag	gtt	ttc	cag	gaa	ggg	gaa	gat	gag	ctc	ggg	gac	gaa	gag	gaa		668	
Asp	Gln	Gly	Phe	Gln	Glu	Gly	Glu	Asp	Glu	Leu	Gly	Asp	Glu	Glu	Glu			
						135			140				145			150		
ggc	gcg	ggc	gac	gag	aac	ggg	cac	ggg	gag	cag	cag	cct	caa	ccg	ccg		716	
Gly	Ala	Gly	Asp	Glu	Asn	Gly	His	Gly	Glu	Gln	Gln	Pro	Gln	Pro	Pro			
						155			160				165					
gcg	acg	cag	cag	caa	cag	ccc	caa	cag	cag	cgc	ggg	gcc	gcc	aag	gag		764	
Ala	Thr	Gln	Gln	Gln	Pro	Gln	Gln	Gln	Arg	Gly	Ala	Ala	Lys	Glu				
						170			175				180					
gcc	gcg	ggg	aag	agc	agc	ggc	ccc	acc	tcg	ctg	tcc	gcg	gtg	acg	gtg		812	
Ala	Ala	Gly	Lys	Ser	Ser	Gly	Pro	Thr	Ser	Leu	Phe	Ala	Val	Thr	Val			
						185			190				195					
gcg	ccg	ccc	ggg	gcg	agg	cag	ggc	cag	cag	cag	gcg	gga	ggg	gac	ggc		860	
Ala	Pro	Pro	Gly	Ala	Arg	Gln	Gly	Gln	Gln	Gln	Ala	Gly	Gly	Asp	Gly			
						200			205				210					
aaa	aca	gaa	cag	aaa	ggc	gga	gat	aaa	aag	agg	ggt	gtt	aaa	aga	cca		908	
Lys	Thr	Glu	Gln	Lys	Gly	Gly	Asp	Lys	Lys	Arg	Gly	Val	Lys	Arg	Pro			
						215			220				225			230		
cga	gaa	gat	cat	ggc	cgt	gga	tat	ttt	gag	tac	att	gaa	gag	aac	aag		956	

Arg	Glu	Asp	His	Gly	Arg	Gly	Tyr	Phe	Glu	Tyr	Ile	Glu	Glu	Asn	Lys			
																235	240	245
tat	agc	aga	gcc	aaa	tct	cct	cag	cca	cct	gtt	gaa	gaa	gaa	gat	gaa		1004	
Tyr	Ser	Arg	Ala	Lys	Ser	Pro	Gln	Pro	Pro	Val	Glu	Glu	Glu	Asp	Glu			
																250	255	260
cac	tcc	gat	gac	aca	gtg	gtt	tgt	ctt	gat	act	tat	aat	tgt	gat	cta		1052	
His	Phe	Asp	Asp	Thr	Val	Val	Cys	Leu	Asp	Thr	Tyr	Asn	Cys	Asp	Leu			
																265	270	275
cat	ttt	aaa	ata	tca	aga	gat	cgt	ctc	agt	gct	tct	tcc	ctt	aca	atg		1100	
His	Phe	Lys	Ile	Ser	Arg	Asp	Arg	Leu	Ser	Ala	Ser	Ser	Leu	Thr	Met			
																280	285	290
gag	agt	ttt	gct	ttt	ctt	tgg	gct	gga	gga	aga	gca	tcc	tat	ggt	gtg		1148	
Glu	Ser	Phe	Ala	Phe	Leu	Trp	Ala	Gly	Gly	Arg	Ala	Ser	Tyr	Gly	Val			
																295	300	305
tca	aaa	ggc	aaa	gtg	tgt	ttt	gag	atg	aag	gtt	aca	gag	aag	atc	cca		1196	
Ser	Lys	Gly	Lys	Val	Cys	Phe	Glu	Met	Lys	Val	Thr	Glu	Lys	Ile	Pro			
																315	320	325
gta	agg	cat	tta	tat	aca	aaa	gat	att	gac	ata	cat	gaa	gtt	cgt	att		1244	
Val	Arg	His	Leu	Tyr	Thr	Lys	Asp	Ile	Asp	Ile	His	Glu	Val	Arg	Ile			
																330	335	340
ggc	tgg	tca	cta	act	aca	agt	gga	atg	tta	ctt	ggt	gaa	gaa	gaa	ttt		1292	
Gly	Trp	Ser	Leu	Thr	Thr	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Gly	Glu	Glu	Glu	Phe			
																345	350	355
tct	tat	ggg	tat	tct	cta	aaa	gga	ata	aaa	aca	tgc	aac	tgt	gag	act		1340	
Ser	Tyr	Gly	Tyr	Ser	Leu	Lys	Gly	Ile	Lys	Thr	Cys	Asn	Cys	Glu	Thr			
																360	365	370
gaa	gat	tat	gga	gaa	aag	ttt	gat	gaa	aat	gat	gtg	att	aca	tgt	ttt		1388	
Glu	Asp	Tyr	Gly	Glu	Lys	Phe	Asp	Glu	Asn	Asp	Val	Ile	Thr	Cys	Phe			
																375	380	385
gct	aac	ttt	gaa	agt	gat	gaa	gta	gaa	ctc	tgc	tat	gct	aag	aat	gga		1436	
Ala	Asn	Phe	Glu	Ser	Asp	Glu	Val	Glu	Leu	Ser	Tyr	Ala	Lys	Asn	Gly			
																395	400	405
caa	gat	ctt	ggc	gtt	gcc	ttc	aaa	atc	agt	aag	gaa	gtt	ctt	gct	gga		1484	
Gln	Asp	Leu	Gly	Val	Ala	Phe	Lys	Ile	Ser	Lys	Glu	Val	Leu	Ala	Gly			
																410	415	420
cgg	cca	ctg	ttc	ccg	cat	gtt	ctc	tgc	cac	aac	tgt	gca	gtt	gaa	ttt		1532	
Arg	Pro	Leu	Phe	Pro	His	Val	Leu	Cys	His	Asn	Cys	Ala	Val	Glu	Phe			
																425	430	435

aat	ttt	ggt	cag	aag	gaa	aag	cca	tat	ttt	cca	ata	cct	gaa	gag	tat	1580
Asn	Phe	Gly	Gln	Lys	Glu	Lys	Pro	Tyr	Phe	Pro	Ile	Pro	Glu	Glu	Tyr	
440																
act	ttc	atc	cag	aac	gtc	ccc	tta	gag	gat	cga	gtt	aga	gga	cca	aag	1628
Thr	Phe	Ile	Gln	Asn	Val	Pro	Leu	Glu	Asp	Arg	Val	Arg	Gly	Pro	Lys	
455																
ggg	cct	gaa	gag	aag	aaa	gat	tgt	gaa	gtt	gtg	atg	atg	att	ggc	ttg	1676
Gly	Pro	Glu	Glu	Lys	Lys	Asp	Cys	Glu	Val	Val	Met	Met	Ile	Gly	Leu	
475																
480																
485																
cca	gga	gct	gga	aaa	act	acc	tgg	gtt	act	aaa	cat	gca	gca	gaa	aat	1724
Pro	Gly	Ala	Gly	Lys	Thr	Thr	Trp	Val	Thr	Lys	His	Ala	Ala	Glu	Asn	
490																
495																
500																
cca	ggg	aaa	tat	aac	att	ctt	ggc	aca	aat	act	att	atg	gat	aag	atg	1772
Pro	Gly	Lys	Tyr	Asn	Ile	Leu	Gly	Thr	Asn	Thr	Ile	Met	Asp	Lys	Met	
505																
510																
515																
atg	gtg	gca	ggt	ttt	aag	aag	caa	atg	gca	gat	act	gga	aaa	ctg	aac	1820
Met	Val	Ala	Gly	Phe	Lys	Lys	Gln	Met	Ala	Asp	Thr	Gly	Lys	Leu	Asn	
520																
525																
530																
aca	ctg	ttg	cag	aga	gcc	ccc	cag	tgt	ctt	ggg	aaa	ttt	att	gag	att	1868
Thr	Leu	Leu	Gln	Arg	Ala	Pro	Gln	Cys	Leu	Gly	Lys	Phe	Ile	Glu	Ile	
535																
540																
545																
550																
gct	gcc	cga	aag	aag	cga	aat	ttt	att	ctg	gat	cag	aca	aat	gtg	tct	1916
Ala	Ala	Arg	Lys	Lys	Arg	Asn	Phe	Ile	Leu	Asp	Gln	Thr	Asn	Val	Ser	
555																
560																
565																
gct	gct	gcc	cag	agg	aga	aaa	atg	tgc	ctg	ttt	gca	ggc	ttc	cag	cga	1964
Ala	Ala	Ala	Gln	Arg	Arg	Lys	Met	Cys	Leu	Phe	Ala	Gly	Phe	Gln	Arg	
570																
575																
580																
aaa	gct	gtt	gta	gtt	tgc	cca	aaa	gat	gaa	gac	tat	aag	caa	aga	aca	2012
Lys	Ala	Val	Val	Val	Cys	Pro	Lys	Asp	Glu	Asp	Tyr	Lys	Gln	Arg	Thr	
585																
590																
595																
cag	aag	aaa	gca	gaa	gta	gag	ggg	aaa	gac	cta	cca	gaa	cat	gcg	gtc	2060
Gln	Lys	Lys	Ala	Glu	Val	Glu	Gly	Lys	Asp	Leu	Pro	Glu	His	Ala	Val	
600																
605																
610																
ctc	aaa	atg	aaa	gga	aac	ttt	acc	ctc	cca	gag	gta	gct	gag	tgc	ttt	2108
Leu	Lys	Met	Lys	Gly	Asn	Phe	Thr	Leu	Pro	Glu	Val	Ala	Glu	Cys	Phe	
615																
620																
625																
630																
gat	gaa	ata	acc	tat	gtt	gaa	ctt	cag	aag	gaa	gaa	gcc	caa	aaa	ctc	2156

Asp Glu Ile Thr Tyr Val Glu Leu Gln Lys Glu Glu Ala Gln Lys Leu			
635	640	645	
ttg gag caa tat aag gaa gaa agc aaa aag gct ctt cca cca gaa aag			2204
Leu Glu Gln Tyr Lys Glu Glu Ser Lys Lys Ala Leu Pro Pro Glu Lys			
650	655	660	
aaa cag aac act ggc tca aag aaa agc aat aaa aat aag agt ggc aag			2252
Lys Gln Asn Thr Gly Ser Lys Lys Ser Asn Lys Asn Lys Ser Gly Lys			
665	670	675	
aac cag ttt aac aga ggt ggt ggc cat aga gga cgt gga gga ttc aat			2300
Asn Gln Phe Asn Arg Gly Gly His Arg Gly Arg Gly Gly Phe Asn			
680	685	690	
atg cgt ggt gga aat ttc aga gga gga gcc cct ggg aat cgt ggc gga			2348
Met Arg Gly Gly Asn Phe Arg Gly Gly Ala Pro Gly Asn Arg Gly Gly			
695	700	705	710
tat aat agg agg ggc aac atg cca cag aga ggt ggt ggc ggt gga gga			2396
Tyr Asn Arg Arg Gly Asn Met Pro Gln Arg Gly Gly Gly Gly Gly			
715	720	725	
agt ggt gga atc ggc tat cca tac cct cgt gcc cct gtt ttt cct ggc			2444
Ser Gly Gly Ile Gly Tyr Pro Tyr Pro Arg Ala Pro Val Phe Pro Gly			
730	735	740	
cgt ggt agt tac tca aac aga ggg aac tac aac aga ggt gga atg ccc			2492
Arg Gly Ser Tyr Ser Asn Arg Gly Asn Tyr Asn Arg Gly Gly Met Pro			
745	750	755	
aac aga ggg aac tac aac cag aac ttc aga gga cga gga aac aat cgt			2540
Asn Arg Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Phe Arg Gly Arg Gly Asn Asn Arg			
760	765	770	
ggc tac aaa aat caa tct cag ggc tac aac cag tgg cag cag ggt caa			2588
Gly Tyr Lys Asn Gln Ser Gln Gly Tyr Asn Gln Trp Gln Gln Gly Gln			
775	780	785	790
ttc tgg ggt cag aag cca tgg agt cag cat tat cac caa gga tat tat			2636
Phe Trp Gly Gln Lys Pro Trp Ser Gln His Tyr His Gln Gly Tyr Tyr			
795	800	805	
tga atacccaaat aaaacgaact gatacatatt tctccaaaaac cttaacaaga			2689
agtcgactgt ttcttttagt aggctaactt tttaaacatt ccacaaggagg aagtgcctgc			2749
gggttccttt tttagaagct ttgtgggttg atttttttc ttttctttt tgtacat			2809
taattgcagt ttaaaagtga atcgtaagag aacctcagca ttgtgcacga taagagaatg			2869

tgtcagtatt tcagggttct acattttatac tgtaaaatgt gactttttt ttttttatc	2929
acaacagaag taaaatgttg ctgttaccc ggtgtctttt attaagaatt tactcccccc	2989
atttctcaca gagaataaca gtcgggagtc attgtcacaa tataatagaa atgttagcaa	3049
ccagattcat gtaaggacta agtggtcctc atgaattgca ttaagactct gtactgctca	3109
tattacactc catcctctct gtagtttgct gggttagtgga gggggtaagc taaatcatag	3169
tttctgacaa taactggaa ggtttttct taaaataaca atggaattgg tataattggg	3229
attgaaaact aaaacttgga actaagatag agaagatgga gtgtatgttag aagggctgtt	3289
aaaaatgtaa aacttggttg cattatttgt ggaggctcaa acttgtgaag gttaatacca	3349
taatttttcc atttgttctg cattttgatt ctgaaaaagaa agctggcttt gcccatttct	3409
tataaaaaaaaa acttgttgta aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaa	3465

<210> 20
<211> 806
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<4 0 0> 20

Met Ser Ser Ser Pro Val Asn Val Lys Lys Leu Lys Val Ser Glu Leu
1 5 10 15

Lys Glu Glu Leu Lys Lys Arg Arg Leu Ser Asp Lys Gly Leu Lys Ala
20 25 30

Glu Leu Met Glu Arg Leu Gln Ala Ala Leu Asp Asp Glu Glu Ala Gly
 35 40 45

Gly Arg Pro Ala Met Glu Pro Gly Asn Gly Ser Leu Asp Leu Gly Gly
50 55 60

Asp Ser Ala Gly Arg Ser Gly Ala Gly Leu Glu Gln Glu Ala Ala Ala
65 70 75 80

Gly Gly Asp Glu Gly Ile

85

90

95

Ser Ala Leu Asp Gly Asp Gln Met Glu Leu Gly Glu Glu Asn Gly Ala
100 105 110

Ala Gly Ala Ala Asp Ser Gly Pro Met Glu Glu Glu Glu Ala Ala Ser
115 120 125

Glu Asp Glu Asn Gly Asp Asp Gln Gly Phe Gln Glu Gly Glu Asp Glu
130 135 140

Leu Gly Asp Glu Glu Glu Gly Ala Gly Asp Glu Asn Gly His Gly Glu
145 150 155 160

Gln Gln Pro Gln Pro Pro Ala Thr Gln Gln Gln Gln Pro Gln Gln Gln
165 170 175

Arg Gly Ala Ala Lys Glu Ala Ala Gly Lys Ser Ser Gly Pro Thr Ser
180 185 190

Leu Phe Ala Val Thr Val Ala Pro Pro Gly Ala Arg Gln Gly Gln Gln
195 200 205

Gln Ala Gly Gly Asp Gly Lys Thr Glu Gln Lys Gly Gly Asp Lys Lys
210 215 220

Arg Gly Val Lys Arg Pro Arg Glu Asp His Gly Arg Gly Tyr Phe Glu
225 230 235 240

Tyr Ile Glu Glu Asn Lys Tyr Ser Arg Ala Lys Ser Pro Gln Pro Pro
245 250 255

Val Glu Glu Glu Asp Glu His Phe Asp Asp Thr Val Val Cys Leu Asp
260 265 270

Thr Tyr Asn Cys Asp Leu His Phe Lys Ile Ser Arg Asp Arg Leu Ser
275 280 285

Ala Ser Ser Leu Thr Met Glu Ser Phe Ala Phe Leu Trp Ala Gly Gly
290 295 300

Arg Ala Ser Tyr Gly Val Ser Lys Gly Lys Val Cys Phe Glu Met Lys
305 310 315 320

Val Thr Glu Lys Ile Pro Val Arg His Leu Tyr Thr Lys Asp Ile Asp
325 330 335

Ile His Glu Val Arg Ile Gly Trp Ser Leu Thr Thr Ser Gly Met Leu
340 345 350

Leu Gly Glu Glu Glu Phe Ser Tyr Gly Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Lys
355 360 365

Thr Cys Asn Cys Glu Thr Glu Asp Tyr Gly Glu Lys Phe Asp Glu Asn
370 375 380

Asp Val Ile Thr Cys Phe Ala Asn Phe Glu Ser Asp Glu Val Glu Leu
385 390 395 400

Ser Tyr Ala Lys Asn Gly Gln Asp Leu Gly Val Ala Phe Lys Ile Ser
405 410 415

Lys Glu Val Leu Ala Gly Arg Pro Leu Phe Pro His Val Leu Cys His
420 425 430

Asn Cys Ala Val Glu Phe Asn Phe Gly Gln Lys Glu Lys Pro Tyr Phe
435 440 445

Pro Ile Pro Glu Glu Tyr Thr Phe Ile Gln Asn Val Pro Leu Glu Asp
450 455 460

Arg Val Arg Gly Pro Lys Gly Pro Glu Glu Lys Lys Asp Cys Glu Val
465 470 475 480

Val Met Met Ile Gly Leu Pro Gly Ala Gly Lys Thr Thr Trp Val Thr

485

490

495

Lys His Ala Ala Glu Asn Pro Gly Lys Tyr Asn Ile Leu Gly Thr Asn
500 505 510

Thr Ile Met Asp Lys Met Met Val Ala Gly Phe Lys Lys Gln Met Ala
515 520 525

Asp Thr Gly Lys Leu Asn Thr Leu Leu Gln Arg Ala Pro Gln Cys Leu
530 535 540

Gly Lys Phe Ile Glu Ile Ala Ala Arg Lys Lys Arg Asn Phe Ile Leu
545 550 555 560

Asp Gln Thr Asn Val Ser Ala Ala Ala Gln Arg Arg Lys Met Cys Leu
565 570 575

Phe Ala Gly Phe Gln Arg Lys Ala Val Val Val Cys Pro Lys Asp Glu
580 585 590

Asp Tyr Lys Gln Arg Thr Gln Lys Lys Ala Glu Val Glu Gly Lys Asp
595 600 605

Leu Pro Glu His Ala Val Leu Lys Met Lys Gly Asn Phe Thr Leu Pro
610 615 620

Gl u Val Ala Glu Cys Phe Asp Glu Ile Thr Tyr Val Glu Leu Gln Lys
625 630 635 640

Gl u Gl u Ala Gln Lys Leu Leu Glu Gln Tyr Lys Glu Glu Ser Lys Lys
645 650 655

Ala Leu Pro Pro Glu Lys Lys Gln Asn Thr Gly Ser Lys Lys Ser Asn
660 665 670

Lys Asn Lys Ser Gly Lys Asn Gln Phe Asn Arg Gly Gly Gly His Arg
675 680 685

Gly Arg Gly Gly Phe Asn Met Arg Gly Gly Asn Phe Arg Gly Gly Ala
690 695 700

Pro Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Asn Arg Arg Gly Asn Met Pro Gln Arg
705 710 715 720

Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ile Gly Tyr Pro Tyr Pro Arg
725 730 735

Ala Pro Val Phe Pro Gly Arg Gly Ser Tyr Ser Asn Arg Gly Asn Tyr
740 745 750

Asn Arg Gly Gly Met Pro Asn Arg Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Phe Arg
755 760 765

Gly Arg Gly Asn Asn Arg Gly Tyr Lys Asn Gln Ser Gln Gly Tyr Asn
770 775 780

Gln Trp Gln Gln Gly Gln Phe Trp Gly Gln Lys Pro Trp Ser Gln His
785 790 795 800

Tyr His Gln Gly Tyr Tyr
805

<210> 21

<211> 3933

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (318)..(2861)

<223>

<400> 21

g c g a g a g t g g g t t g t t c t t g g g c t g c a g c c g c t g c c g c t t c t c g c c a g c g c c g t t g 60

c t g c g g g g a t t g t g g g a g t c t c c g c g t c c g c g t c g g g a g a g a g g t a c c t c t c c t t t 120

t c c c t c t c c c t t c c c t a a g a g t t g t c t g c t g g t t c t c a g c t t g a a g a a g a t t c t g c a g t 180

ccttattgat ccttttctt ggcggtacca ttttgaagc aaagttaacc tagcttcta	240
gttgagctt tcttttggc cgtcttaaaa aaaaattttt ttttaatct ataaaataga	300
caagagctag ttctaca atg tcc aag tca ttc cag cag tca tct ctc agt	350
Met Ser Lys Ser Phe Gln Gln Ser Ser Leu Ser	
1 5 10	
agg gac tca cag ggt cat ggg cgt gac ctg tct gcg gca gga ata ggc	398
Arg Asp Ser Gln Gly His Gly Arg Asp Leu Ser Ala Ala Gly Ile Gly	
15 20 25	
ctt ctt gct gct acc cag tct tta agt atg cca gca tct ctt gga	446
Leu Leu Ala Ala Ala Thr Gln Ser Leu Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly	
30 35 40	
agg atg aac cag ggt act gca cgc ctt gct agt tta atg aat ctt gga	494
Arg Met Asn Gln Gly Thr Ala Arg Leu Ala Ser Leu Met Asn Leu Gly	
45 50 55	
atg agt tct tca ttg aat caa caa gga gct cat agt gca ctg tct tct	542
Met Ser Ser Ser Leu Asn Gln Gln Gly Ala His Ser Ala Leu Ser Ser	
60 65 70 75	
gct agt act tct tcc cat aat ttg cag tct ata ttt aac att gga agt	590
Ala Ser Thr Ser Ser His Asn Leu Gln Ser Ile Phe Asn Ile Gly Ser	
80 85 90	
aga ggt cca ctc cct tta tct tct caa cac cgt gga gat gca gac cag	638
Arg Gly Pro Leu Pro Leu Ser Ser Gln His Arg Gly Asp Ala Asp Gln	
95 100 105	
gcc agt aac att ttg gcc agc ttt ggt ctg tct gct aga gac tta gat	686
Ala Ser Asn Ile Leu Ala Ser Phe Gly Leu Ser Ala Arg Asp Leu Asp	
110 115 120	
gaa ctg agt cgt tat cca gag gac aag att act cct gag aat ttg ccc	734
Glu Leu Ser Arg Tyr Pro Glu Asp Lys Ile Thr Pro Glu Asn Leu Pro	
125 130 135	
caa atc ctt cta cag ctt aaa agg agg aga act gaa gaa ggc cct acc	782
Gln Ile Leu Leu Gln Leu Lys Arg Arg Arg Thr Glu Glu Gly Pro Thr	
140 145 150 155	
ttg agt tat ggt aga gat ggc aga tct gct aca cgg gag cca cca tac	830
Leu Ser Tyr Gly Arg Asp Gly Arg Ser Ala Thr Arg Glu Pro Pro Tyr	
160 165 170	
aga gta cct agg gat gat tgg gaa gaa aaa agg cac ttt aga aga gat	878
Arg Val Pro Arg Asp Asp Trp Glu Glu Lys Arg His Phe Arg Arg Asp	

175

180

185

agt ttt gat gat cgt ggt cct agt ctc aac cca gtg ctt gat tat gac	926
Ser Phe Asp Asp Arg Gly Pro Ser Leu Asn Pro Val Leu Asp Tyr Asp	
190	195
cat gga agt cgt tct caa gaa tct ggt tat tat gac aga atg gat tat	974
His Gly Ser Arg Ser Gln Glu Ser Gly Tyr Tyr Asp Arg Met Asp Tyr	
205	210
215	
gaa gat gac aga tta aga gat gga gaa agg tgt agg gat gat tct ttt	1022
Glut Asp Asp Arg Leu Arg Asp Gly Glu Arg Cys Arg Asp Asp Ser Phe	
220	225
230	235
ttt ggt gag acc tcg cat aac tat cat aaa ttt gac agt gag tat gag	1070
Phe Gly Glu Thr Ser His Asn Tyr His Lys Phe Asp Ser Glu Tyr Glu	
240	245
250	
aga atg gga cgt ggt cct ggc ccc tta caa gag aga tct ctc ttt gag	1118
Arg Met Gly Arg Gly Pro Gly Pro Leu Gln Glu Arg Ser Leu Phe Glu	
255	260
265	
aaa aag aga ggc gct cct cca agt agc aat att gaa gac ttc cat gga	1166
Lys Lys Arg Gly Ala Pro Pro Ser Ser Asn Ile Glu Asp Phe His Gly	
270	275
280	
ctc tta ccg aag ggt tat ccc cat ctg tgc tct ata tgt gat ttg cca	1214
Leu Leu Pro Lys Gly Tyr Pro His Leu Cys Ser Ile Cys Asp Leu Pro	
285	290
295	
gtt cat tct aat aag gag tgg agt caa cat atc aat gga gca agt cac	1262
Val His Ser Asn Lys Glu Trp Ser Gln His Ile Asn Gly Ala Ser His	
300	305
310	315
agt cgt cga tgc cag ctt ctt gaa atc tac cca gaa tgg aat cct	1310
Ser Arg Arg Cys Gln Leu Leu Glu Ile Tyr Pro Glu Trp Asn Pro	
320	325
330	
gac aat gat aca gga cac aca atg ggt gat cca ttc atg ttg cag cag	1358
Asp Asn Asp Thr Gly His Thr Met Gly Asp Pro Phe Met Leu Gln Gln	
335	340
345	
tct aca aat cca gca cca gga att ctg gga cct cca cct ccc tca ttt	1406
Ser Thr Asn Pro Ala Pro Gly Ile Leu Gly Pro Pro Pro Pro Ser Phe	
350	355
360	
cat ctt ggg gga cca gca gtt gga cca aga gga aat ctg ggt gct gga	1454
His Leu Gly Gly Pro Ala Val Gly Pro Arg Gly Asn Leu Gly Ala Gly	
365	370
375	

aat gga aac ctg caa gga cct aga cac atg cag aaa ggc aga gtg gaa	1502
Asn Gly Asn Leu Gln Gly Pro Arg His Met Gln Lys Gly Arg Val Glu	
380	385
390	395
act agc aga gtt gtt cac atc atg gat ttt caa cga ggg aaa aac ttg	1550
Thr Ser Arg Val Val His Ile Met Asp Phe Gln Arg Gly Lys Asn Leu	
400	405
410	
aga tac cag cta tta cag ctg gta gaa cca ttt gga gtc att tca aat	1598
Arg Tyr Gln Leu Leu Gln Leu Val Glu Pro Phe Gly Val Ile Ser Asn	
415	420
425	
cat ctg att cta aat aaa att aat gag gca ttt att gaa atg gca acc	1646
His Leu Ile Leu Asn Lys Ile Asn Glu Ala Phe Ile Glu Met Ala Thr	
430	435
440	
aca gag gat gct cag gcc gca gtg gat tat tac aca acc aca cca gcg	1694
Thr Glu Asp Ala Gln Ala Ala Val Asp Tyr Tyr Thr Thr Pro Ala	
445	450
455	
tta gta ttt ggc aag cca gtg aga gtt cat tta tcc cag aag tat aaa	1742
Leu Val Phe Gly Lys Pro Val Arg Val His Leu Ser Gln Lys Tyr Lys	
460	465
470	475
aga ata aag aaa cct gaa gga aag cca gat cag aag ttt gat caa aag	1790
Arg Ile Lys Lys Pro Glu Gly Lys Pro Asp Gln Lys Phe Asp Gln Lys	
480	485
490	
caa gag ctt gga cgt gtg ata cat ctc agc aat ttg ccg cat tct ggc	1838
Gln Glu Leu Gly Arg Val Ile His Leu Ser Asn Leu Pro His Ser Gly	
495	500
505	
tat tct gat agt gct gtt ctc aag ctt gct gag cct tat ggg aaa ata	1886
Tyr Ser Asp Ser Ala Val Leu Lys Leu Ala Glu Pro Tyr Gly Lys Ile	
510	515
520	
aag aat tac ata ttg atg agg atg aaa agt cag gct ttt att gag atg	1934
Lys Asn Tyr Ile Leu Met Arg Met Lys Ser Gln Ala Phe Ile Glu Met	
525	530
535	
gag aca aga gaa gat gca atg gca atg gtt gac cat tgt ttg aaa aaa	1982
Glu Thr Arg Glu Asp Ala Met Ala Met Val Asp His Cys Leu Lys Lys	
540	545
550	555
gcc ctt tgg ttt cag ggg aga tgt gtg aag gtt gac ctg tct gag aaa	2030
Ala Leu Trp Phe Gln Gly Arg Cys Val Lys Val Asp Leu Ser Glu Lys	
560	565
570	
tat aaa aaa ctg gtt ctg agg att cca aac aga ggc att gat tta ctg	2078
Tyr Lys Lys Leu Val Leu Arg Ile Pro Asn Arg Gly Ile Asp Leu Leu	

575

580

585

aaa aaa gat aaa tcc cga aaa aga tct tac tct cca gat ggc aaa gaa	Lys Lys Asp Lys Ser Arg Lys Arg Ser Tyr Ser Pro Asp Gly Lys Glu	590	595	600	2126
tct cca agt gat aag aaa tcc aaa act gat ggt tcc cag aag act gag	Ser Pro Ser Asp Lys Lys Ser Lys Thr Asp Gly Ser Gln Lys Thr Glu	605	610	615	2174
agt tca acc gaa ggt aaa gaa caa gaa gag aag tcc ggt gaa gat ggt	Ser Ser Thr Glu Gly Lys Glu Gln Glu Glu Lys Ser Gly Glu Asp Gly	620	625	630	2222
gag aaa gac aca aag gat gac cag aca gag cag gaa cct aat atg ctt	Glu Lys Asp Thr Lys Asp Asp Gln Thr Glu Gln Glu Pro Asn Met Leu	640	645	650	2270
ctt gaa tct gaa gat gag cta ctt gta gat gaa gaa gaa gca gca gca	Leu Glu Ser Glu Asp Glu Leu Leu Val Asp Glu Glu Glu Ala Ala Ala	655	660	665	2318
ctg cta gaa agt ggc agt tca gtg gga gac gag acc gat ctt gct aat	Leu Leu Glu Ser Gly Ser Ser Val Gly Asp Glu Thr Asp Leu Ala Asn	670	675	680	2366
tta ggt gat gtg gct tct gat ggg aaa aag gaa cca tca gat aaa gct	Leu Gly Asp Val Ala Ser Asp Gly Lys Lys Glu Pro Ser Asp Lys Ala	685	690	695	2414
gtg aaa aaa gat gga agt gct tca gca gca gca aag aaa aag aag ctt aaa	Val Lys Lys Asp Gly Ser Ala Ser Ala Ala Ala Lys Lys Lys Leu Lys	700	705	710	2462
aag gtg gac aag atc gag gaa ctt gat caa gaa aac gaa gca gcg ttg	Lys Val Asp Lys Ile Glu Glu Leu Asp Gln Glu Asn Glu Ala Ala Leu	720	725	730	2510
gaa aat gga att aaa aat gag gaa aac aca gaa cca ggt gct gaa tct	Glu Asn Gly Ile Lys Asn Glu Glu Asn Thr Glu Pro Gly Ala Glu Ser	735	740	745	2558
tct gag aac gct gat gat ccc aac aaa gat aca agt gaa aac gca gat	Ser Glu Asn Ala Asp Asp Pro Asn Lys Asp Thr Ser Glu Asn Ala Asp	750	755	760	2606
ggg caa agt gat gag aac aag gac gac tat aca atc cca gat gag tat	Gly Gln Ser Asp Glu Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Ile Pro Asp Glu Tyr	765	770	775	2654

aga att gga cca tat cag ccc aat gtt cct gtt ggt ata gac tat gtg	2702		
Arg Ile Gly Pro Tyr Gln Pro Asn Val Pro Val Gly Ile Asp Tyr Val			
780	785	790	795
ata cct aaa aca ggg ttt tac tgt aag ctg tgt tca ctc ttt tat aca	2750		
Ile Pro Lys Thr Gly Phe Tyr Cys Lys Leu Cys Ser Leu Phe Tyr Thr			
800	805	810	
aat gaa gaa gtt gca aag aat act cat tgc agc agc ctt cct cat tat	2798		
Asn Glu Glu Val Ala Lys Asn Thr His Cys Ser Ser Leu Pro His Tyr			
815	820	825	
cag aaa tta aag aaa ttt ctg aat aaa ttg gca gaa gaa cgcc aga cag	2846		
Gln Lys Leu Lys Phe Leu Asn Lys Leu Ala Glu Glu Arg Arg Gln			
830	835	840	
aag aag gaa act taa gatgtgcaag gagatttaat gatttcaaag aaaataatgg	2901		
Lys Lys Glu Thr			
845			
ttctttgttt ttaatgttaa cctttttaa atacaatact gatagttaga agaaaactat	2961		
tgtactcttt tgtttagtg gagaaataat agatgtctgt tcattgttta agtgttatag	3021		
caaaaaaaaaat acacatatgg ttaagttaat gaatagtttt tgtttatca gaatggcaac	3081		
agacagaagt actttgtaga gattgacttc ctaagctact taagacaact tgcaccacta	3141		
agaaaaaaaaat gtagaaccat ttggaaaaat gaaatttagt agttccaagt ttcaaagaaa	3201		
tgtcaacatt ttattccatt caataaagaa caaaaccaat agtgtttta ttactttcat	3261		
ctgaaacatt ccatgtttta atctgagcct tgcagacttt catttggagt ttgaacccgt	3321		
tttggttgca tttcattttt ggagaactta attaacgtga gattggcaat tgaatgcag	3381		
gtgcagtttt ctgttaatgt catgctgtt gtttaggtaat aagaaatatt aagtaattgg	3441		
cttttagattt tgtaattttt ttccctgagt tcctgctaga ttctgttattc tagtagtcaa	3501		
tgtatttca gtgaaatgca aaaatattcc cgttatcttt gaccagtatt aattttgag	3561		
atcttactgc ttgtcacttg aatcccgta ttgtcataca tctctggat aagcaacatt	3621		
tgatTTTGA agtgtgtaga ccatctttc atatTTCAA gatgtaatTT tacatTTCTG	3681		
cattttaaa acagttggc cataatcta gatgcacgct tctaattcat gtacctgcac	3741		
atgtgacctt tgtgaacaga aatttgcattataatttgt gtttacttgt aactttctgg	3801		

ttatatactg cttatatctg tggattcaag ttactgaagt gaataccaat aaaaagaaaaa 3861

cctctaggcca tgttaattgg ttatacatgt ttggaatgtt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3921

aaaaaaaaaa aa 3933

<210> 22

<211> 847

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 22

Met Ser Lys Ser Phe Gln Gln Ser Ser Leu Ser Arg Asp Ser Gln Gly
1 5 10 15

His Gly Arg Asp Leu Ser Ala Ala Gly Ile Gly Leu Leu Ala Ala Ala
20 25 30

Thr Gln Ser Leu Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Arg Met Asn Gln Gly
35 40 45

Thr Ala Arg Leu Ala Ser Leu Met Asn Leu Gly Met Ser Ser Ser Leu
50 55 60

Asn Gln Gln Gly Ala His Ser Ala Leu Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser
65 70 75 80

His Asn Leu Gln Ser Ile Phe Asn Ile Gly Ser Arg Gly Pro Leu Pro
85 90 95

Leu Ser Ser Gln His Arg Gly Asp Ala Asp Gln Ala Ser Asn Ile Leu
100 105 110

Ala Ser Phe Gly Leu Ser Ala Arg Asp Leu Asp Glu Leu Ser Arg Tyr
115 120 125

Pro Glu Asp Lys Ile Thr Pro Glu Asn Leu Pro Gln Ile Leu Leu Gln
130 135 140

Leu Lys Arg Arg Arg Thr Glu Glu Gly Pro Thr Leu Ser Tyr Gly Arg
145 150 155 160

Asp Gly Arg Ser Ala Thr Arg Glu Pro Pro Tyr Arg Val Pro Arg Asp
165 170 175

Asp Trp Glu Glu Lys Arg His Phe Arg Arg Asp Ser Phe Asp Asp Arg
180 185 190

Gly Pro Ser Leu Asn Pro Val Leu Asp Tyr Asp His Gly Ser Arg Ser
195 200 205

Gln Glu Ser Gly Tyr Tyr Asp Arg Met Asp Tyr Glu Asp Asp Arg Leu
210 215 220

Arg Asp Gly Glu Arg Cys Arg Asp Asp Ser Phe Phe Gly Glu Thr Ser
225 230 235 240

His Asn Tyr His Lys Phe Asp Ser Glu Tyr Glu Arg Met Gly Arg Gly
245 250 255

Pro Gly Pro Leu Gln Glu Arg Ser Leu Phe Glu Lys Lys Arg Gly Ala
260 265 270

Pro Pro Ser Ser Asn Ile Glu Asp Phe His Gly Leu Leu Pro Lys Gly
275 280 285

Tyr Pro His Leu Cys Ser Ile Cys Asp Leu Pro Val His Ser Asn Lys
290 295 300

Glu Trp Ser Gln His Ile Asn Gly Ala Ser His Ser Arg Arg Cys Gln
305 310 315 320

Leu Leu Leu Glu Ile Tyr Pro Glu Trp Asn Pro Asp Asn Asp Thr Gly
325 330 335

His Thr Met Gly Asp Pro Phe Met Leu Gln Gln Ser Thr Asn Pro Ala
340 345 350

Pro Gly Ile Leu Gly Pro Pro Pro Pro Ser Phe His Leu Gly Gly Pro
355 360 365

Ala Val Gly Pro Arg Gly Asn Leu Gly Ala Gly Asn Gly Asn Leu Gln
370 375 380

Gly Pro Arg His Met Gln Lys Gly Arg Val Glu Thr Ser Arg Val Val
385 390 395 400

His Ile Met Asp Phe Gln Arg Gly Lys Asn Leu Arg Tyr Gln Leu Leu
405 410 415

Gln Leu Val Glu Pro Phe Gly Val Ile Ser Asn His Leu Ile Leu Asn
420 425 430

Lys Ile Asn Glu Ala Phe Ile Glu Met Ala Thr Thr Glu Asp Ala Gln
435 440 445

Ala Ala Val Asp Tyr Tyr Thr Thr Thr Pro Ala Leu Val Phe Gly Lys
450 455 460

Pro Val Arg Val His Leu Ser Gln Lys Tyr Lys Arg Ile Lys Lys Pro
465 470 475 480

Glut Gly Lys Pro Asp Gln Lys Phe Asp Gln Lys Gln Glu Leu Gly Arg
485 490 495

Val Ile His Leu Ser Asn Leu Pro His Ser Gly Tyr Ser Asp Ser Ala
500 505 510

Val Leu Lys Leu Ala Glu Pro Tyr Gly Lys Ile Lys Asn Tyr Ile Leu
515 520 525

Met Arg Met Lys Ser Gln Ala Phe Ile Glu Met Glu Thr Arg Glu Asp
530 535 540

Ala Met Ala Met Val Asp His Cys Leu Lys Lys Ala Leu Trp Phe Gln
545 550 555 560

Gly Arg Cys Val Lys Val Asp Leu Ser Glu Lys Tyr Lys Lys Leu Val
565 570 575

Leu Arg Ile Pro Asn Arg Gly Ile Asp Leu Leu Lys Lys Asp Lys Ser
580 585 590

Arg Lys Arg Ser Tyr Ser Pro Asp Gly Lys Glu Ser Pro Ser Asp Lys
595 600 605

Lys Ser Lys Thr Asp Gly Ser Gln Lys Thr Glu Ser Ser Thr Glu Gly
610 615 620

Lys Glu Gln Glu Glu Lys Ser Gly Glu Asp Gly Glu Lys Asp Thr Lys
625 630 635 640

Asp Asp Gln Thr Glu Gln Glu Pro Asn Met Leu Leu Glu Ser Glu Asp
645 650 655

Glu Leu Leu Val Asp Glu Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Glu Ser Gly
660 665 670

Ser Ser Val Gly Asp Glu Thr Asp Leu Ala Asn Leu Gly Asp Val Ala
675 680 685

Ser Asp Gly Lys Lys Glu Pro Ser Asp Lys Ala Val Lys Lys Asp Gly
690 695 700

Ser Ala Ser Ala Ala Ala Lys Lys Leu Lys Lys Val Asp Lys Ile
705 710 715 720

Glu Glu Leu Asp Gln Glu Asn Glu Ala Ala Leu Glu Asn Gly Ile Lys
725 730 735

Asn Glu Glu Asn Thr Glu Pro Gly Ala Glu Ser Ser Glu Asn Ala Asp
740 745 750

Asp Pro Asn Lys Asp Thr Ser Glu Asn Ala Asp Gly Gln Ser Asp Glu
755 760 765

Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Ile Pro Asp Glu Tyr Arg Ile Gly Pro Tyr
770 775 780

Gln Pro Asn Val Pro Val Gly Ile Asp Tyr Val Ile Pro Lys Thr Gly
785 790 795 800

Phe Tyr Cys Lys Leu Cys Ser Leu Phe Tyr Thr Asn Glu Glu Val Ala
805 810 815

Lys Asn Thr His Cys Ser Ser Leu Pro His Tyr Gln Lys Leu Lys Lys
820 825 830

Phe Leu Asn Lys Leu Ala Glu Glu Arg Arg Gln Lys Lys Glu Thr
835 840 845

<210> 23

<211> 1339

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (47)..(1018)

<223>

<400> 23

gaattccgat tagtgtgatc tcagctcaag gcaaagggtgg gatatc atg gca tct 55
Met Ala Ser
l

atc tgg gtt gga cac cga gga aca gta aga gat tat cca gac ttt agc 103
Ile Trp Val Gly His Arg Gly Thr Val Arg Asp Tyr Pro Asp Phe Ser
5 10 15

cca tca gtg gat gct gaa gct att cag aaa gca atc aga gga att gga 151
Pro Ser Val Asp Ala Glu Ala Ile Gln Lys Ala Ile Arg Gly Ile Gly
20 25 30 35

act gat gag aaa atg ctc atc agc att ctg act gag agg tca aat gca 199

Thr Asp Glu Lys Met Leu Ile Ser Ile Leu Thr Glu Arg Ser Asn Ala
40 45 50

cag cgg cag ctg att gtt aag gaa tat caa gca gca tat gga aag gag 247
Gln Arg Gln Leu Ile Val Lys Glu Tyr Gln Ala Ala Tyr Gly Lys Glu
55 60 65

ctg aaa gat gac ttg aag ggt gat ctc tct ggc cac ttt gag cat ctc 295
Leu Lys Asp Asp Leu Lys Gly Asp Leu Ser Gly His Phe Glu His Leu
70 75 80

atg gtg gcc cta gtg act cca cca gca gtc ttt gat gca aag cag cta 343
Met Val Ala Leu Val Thr Pro Pro Ala Val Phe Asp Ala Lys Gln Leu
85 90 95

aag aaa tcc atg aag ggc gcg gga aca aac gaa gat gcc ttg att gaa 391
Lys Lys Ser Met Lys Gly Ala Gly Thr Asn Glu Asp Ala Leu Ile Glu
100 105 110 115

atc tta act acc agg aca agc agg caa atg aag gat atc tct caa gcc 439
Ile Leu Thr Thr Arg Thr Ser Arg Gln Met Lys Asp Ile Ser Gln Ala
120 125 130

tat tat aca gta tac aag aag agt ctt gga gat gac att agt tcc gaa 487
Tyr Tyr Thr Val Tyr Lys Lys Ser Leu Gly Asp Asp Ile Ser Ser Glu
135 140 145

aca tct ggt gac ttc cgg aaa gct ctg ttg act ttg gca gat ggc aga 535
Thr Ser Gly Asp Phe Arg Lys Ala Leu Leu Thr Leu Ala Asp Gly Arg
150 155 160

aga gat gaa agt ctg aaa gtg gat gag cat ctg gcc aaa caa gat gcc 583
Arg Asp Glu Ser Leu Lys Val Asp Glu His Leu Ala Lys Gln Asp Ala
165 170 175

cag att ctc tat aaa gct ggt gag aac aga tgg ggc acg gat gaa gac 631
Gln Ile Leu Tyr Lys Ala Gly Glu Asn Arg Trp Gly Thr Asp Glu Asp
180 185 190 195

aaa ttc act gag atc ctg tgt tta agg agc ttt cct caa tta aaa cta 679
Lys Phe Thr Glu Ile Leu Cys Leu Arg Ser Phe Pro Gln Leu Lys Leu
200 205 210

aca ttt gat gaa tac aga aat atc agc caa aag gac att gtg gac agc 727
Thr Phe Asp Glu Tyr Arg Asn Ile Ser Gln Lys Asp Ile Val Asp Ser
215 220 225

ata aaa gga gaa tta tct ggg cat ttt gaa gac tta ctg ttg gcc ata 775
Ile Lys Gly Glu Leu Ser Gly His Phe Glu Asp Leu Leu Leu Ala Ile
230 235 240

gtt	aat	tgt	gtg	agg	aac	acg	ccg	gcc	ttt	tta	gcc	gaa	aga	ctg	cat	823
Val	Asn	Cys	Val	Arg	Asn	Thr	Pro	Ala	Phe	Leu	Ala	Glu	Arg	Leu	His	
245																
															255	
cga	gcc	ttg	aag	ggt	att	gga	act	gat	gag	ttt	act	ctg	aac	cga	ata	871
Arg	Ala	Leu	Lys	Gly	Ile	Gly	Thr	Asp	Glu	Phe	Thr	Leu	Asn	Arg	Ile	
260																275
atg	gtg	tcc	aga	tca	gaa	att	gac	ctt	ttg	gac	att	cga	aca	gag	ttc	919
Met	Val	Ser	Arg	Ser	Glu	Ile	Asp	Leu	Leu	Asp	Ile	Arg	Thr	Glu	Phe	
280																290
aag	aag	cat	tat	ggc	tat	tcc	cta	tat	tca	gca	att	aaa	tcg	gat	act	967
Lys	Lys	His	Tyr	Gly	Tyr	Ser	Leu	Tyr	Ser	Ala	Ile	Lys	Ser	Asp	Thr	
295																305
tct	gga	gac	tat	gaa	atc	aca	ctc	tta	aaa	atc	tgt	ggt	gga	gat	gac	1015
Ser	Gly	Asp	Tyr	Glu	Ile	Thr	Leu	Leu	Lys	Ile	Cys	Gly	Gly	Asp	Asp	
310																320
tga	accaagaaga	taatctccaa	aggtccacga	tgggctttcc	caacagctcc											1068
accttacttc	ttctcatact	attnaagaga	acaagcaa	ataaaacagca	acttgtgttc											1128
ctaacaggaa	ttttcattgt	tctataacaa	caacaacaaa	agcgattatt	attttagagc											1188
atctcattta	taatgttagca	gctcataa	gaaattgaaa	atggattttaa	agatctgc	aa										1248
ctactatcca	acttatattt	ctgctttcaa	agttaagaat	ctttatagtt	ctactccatt											1308
aaatataaag	caagataata	aaacggaatt	c													1339

<210> 24
<211> 323
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 24

Met	Ala	Ser	Ile	Trp	Val	Gly	His	Arg	Gly	Thr	Val	Arg	Asp	Tyr	Pro	
1																15

Asp	Phe	Ser	Pro	Ser	Val	Asp	Ala	Glu	Ala	Ile	Gln	Lys	Ala	Ile	Arg	
																20
																25
																30

Gly Ile Gly Thr Asp Glu Lys Met Leu Ile Ser Ile Leu Thr Glu Arg

35

40

45

Ser Asn Ala Gln Arg Gln Leu Ile Val Lys Glu Tyr Gln Ala Ala Tyr
50 55 60

Gly Lys Glu Leu Lys Asp Asp Leu Lys Gly Asp Leu Ser Gly His Phe
65 70 75 80

Glu His Leu Met Val Ala Leu Val Thr Pro Pro Ala Val Phe Asp Ala
85 90 95

Lys Gln Leu Lys Lys Ser Met Lys Gly Ala Gly Thr Asn Glu Asp Ala
100 105 110

Leu Ile Glu Ile Leu Thr Thr Arg Thr Ser Arg Gln Met Lys Asp Ile
115 120 125

Ser Gln Ala Tyr Tyr Thr Val Tyr Lys Lys Ser Leu Gly Asp Asp Ile
130 135 140

Ser Ser Glu Thr Ser Gly Asp Phe Arg Lys Ala Leu Leu Thr Leu Ala
145 150 155 160

Asp Gly Arg Arg Asp Glu Ser Leu Lys Val Asp Glu His Leu Ala Lys
165 170 175

Gln Asp Ala Gln Ile Leu Tyr Lys Ala Gly Glu Asn Arg Trp Gly Thr
180 185 190

Asp Glu Asp Lys Phe Thr Glu Ile Leu Cys Leu Arg Ser Phe Pro Gln
195 200 205

Leu Lys Leu Thr Phe Asp Glu Tyr Arg Asn Ile Ser Gln Lys Asp Ile
210 215 220

Val Asp Ser Ile Lys Gly Glu Leu Ser Gly His Phe Glu Asp Leu Leu
225 230 235 240

Leu Ala Ile Val Asn Cys Val Arg Asn Thr Pro Ala Phe Leu Ala Glu
245 250 255

Arg Leu His Arg Ala Leu Lys Gly Ile Gly Thr Asp Glu Phe Thr Leu
260 265 270

Asn Arg Ile Met Val Ser Arg Ser Glu Ile Asp Leu Leu Asp Ile Arg
275 280 285

Thr Glu Phe Lys Lys His Tyr Gly Tyr Ser Leu Tyr Ser Ala Ile Lys
290 295 300

Ser Asp Thr Ser Gly Asp Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Lys Ile Cys Gly
315 320

Gly Asp Asp

<210> 25

<211> 1659

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (152)..(1201)

<223>

<400> 25

gctggggggcg ggtccctgcgg caccggccgg gaagctgcgc gagggtcgac agcctccgcc 60

acatcctcca cctctcttgg tccagcgagc gttgccgggc cagggtcaag cggagggtc 120

cgacggcgcg gacggagcga agcgccgagc c atg gcg cac caa acg ggc atc 172
Met Ala His Gln Thr Gly Ile
l 5

cac gcc acg gaa gag ctg aag gaa ttc ttt gcc aag gca cgg gct ggc 220
His Ala Thr Glu Glu Leu Lys Glu Phe Phe Ala Lys Ala Arg Ala Gly
10 15 20

tct gtg cgg ctc atc aag gtt gtg att gag gac gag cag ctc gtg ctg 268
Ser Val Arg Leu Ile Lys Val Val Ile Glu Asp Glu Gln Leu Val Leu

25

30

35

ggt	gcc	tcg	cag	gag	cca	gta	ggc	cgc	tgg	gat	cag	gac	tat	gac	agg	316
Gly	Ala	Ser	Gln	Glu	Pro	Val	Gly	Arg	Trp	Asp	Gln	Asp	Tyr	Asp	Arg	
40		45					50						55			
gcc	gtg	ctg	cca	ctg	ctg	gac	gcc	cag	cag	ccc	tgc	tac	ctg	ctc	tac	364
Ala	Val	Leu	Pro	Leu	Leu	Asp	Ala	Gln	Gln	Pro	Cys	Tyr	Leu	Leu	Tyr	
		60				65						70				
cgc	ctc	gac	tca	cag	aat	gct	cag	ggc	ttc	gaa	tgg	ctc	ttc	ctc	gcc	412
Arg	Leu	Asp	Ser	Gln	Asn	Ala	Gln	Gly	Phe	Glu	Trp	Leu	Phe	Leu	Ala	
		75				80						85				
tgg	tcg	cct	gat	aac	tcc	ccc	gtg	cgg	ctg	aag	atg	ctg	tac	gcg	gcc	460
Trp	Ser	Pro	Asp	Asn	Ser	Pro	Val	Arg	Leu	Lys	Met	Leu	Tyr	Ala	Ala	
		90				95						100				
acg	cgg	gcc	aca	gtg	aaa	aag	gag	ttt	gga	ggt	ggc	cac	atc	aag	gat	508
Thr	Arg	Ala	Thr	Val	Lys	Lys	Glu	Phe	Gly	Gly	Gly	His	Ile	Lys	Asp	
		105				110						115				
gag	ctc	ttc	ggg	act	gtg	aag	gat	gac	ctc	tct	ttt	gct	ggg	tac	cag	556
Gl	Leu	Phe	Gly	Thr	Val	Lys	Asp	Asp	Leu	Ser	Phe	Ala	Gly	Tyr	Gln	
		120				125					130				135	
aaa	cac	ctg	tcg	tcc	tgt	gcg	gca	cct	gcc	ccg	ctg	acc	tcg	gct	gag	604
Lys	His	Leu	Ser	Ser	Cys	Ala	Ala	Pro	Ala	Pro	Leu	Thr	Ser	Ala	Glu	
		140				145						150				
aga	gag	ctc	cag	cag	atc	cgc	att	aac	gag	gtg	aag	aca	gag	atc	agt	652
Arg	Glu	Leu	Gln	Gln	Ile	Arg	Ile	Asn	Glu	Val	Lys	Thr	Glu	Ile	Ser	
		155				160						165				
gtg	gaa	agc	aag	cac	cag	acc	ctg	cag	ggc	ctc	gcc	ttc	ccc	ctg	cag	700
Val	Glu	Ser	Lys	His	Gln	Thr	Leu	Gln	Gly	Leu	Ala	Phe	Pro	Leu	Gln	
		170				175					180					
cct	gag	gcc	cag	cgg	gca	ctc	cag	cag	ctc	aag	cag	aaa	atg	gtc	aac	748
Pro	Glu	Ala	Gln	Arg	Ala	Leu	Gln	Gln	Leu	Lys	Gln	Lys	Met	Val	Asn	
		185				190					195					
tac	atc	cag	atg	aag	ctg	gac	cta	gag	cgg	gaa	acc	att	gag	ctg	gtg	796
Tyr	Ile	Gln	Met	Lys	Leu	Asp	Leu	Glu	Arg	Glu	Thr	Ile	Glu	Leu	Val	
		200				205					210				215	
cac	aca	gag	ccc	acg	gat	gtg	gcc	cag	ctg	ccc	tcc	cg	gtg	ccc	cga	844
His	Thr	Glu	Pro	Thr	Asp	Val	Ala	Gln	Leu	Pro	Ser	Arg	Val	Pro	Arg	
		220				225						230				

gat gct gcc cgc tac cac ttc ttc ctc tac aag cac acc cat gag ggc	892
Asp Ala Ala Arg Tyr His Phe Phe Leu Tyr Lys His Thr His Glu Gly	
235	240
245	
gac ccc ctt gag tct gta gtg ttc atc tac tcc atg ccg ggg tac aag	940
Asp Pro Leu Glu Ser Val Val Phe Ile Tyr Ser Met Pro Gly Tyr Lys	
250	255
260	
tgc agc atc aag gag cga atg ctc tac tcc agc tgc aag agc cgc ctc	988
Cys Ser Ile Lys Glu Arg Met Leu Tyr Ser Ser Cys Lys Ser Arg Leu	
265	270
275	
ctc gac tcc gtg gag cag gac ttc cat ctg gag atc gcc aag aaa att	1036
Leu Asp Ser Val Glu Gln Asp Phe His Leu Glu Ile Ala Lys Lys Ile	
280	285
290	295
gag att ggc gat ggg gca gag ctg acg gca gag ttc ctc tac gac gag	1084
Glu Ile Gly Asp Gly Ala Glu Leu Thr Ala Glu Phe Leu Tyr Asp Glu	
300	305
310	
gtg cac ccc aag caa cac gcc ttc aag cag gcc ttc gcc aag ccc aag	1132
Val His Pro Lys Gln His Ala Phe Lys Gln Ala Phe Ala Lys Pro Lys	
315	320
325	
ggc cca ggg ggc aag cgg ggc cat aag cgc ctc atc cgc ggc ccg ggt	1180
Gly Pro Gly Gly Lys Arg Gly His Lys Arg Leu Ile Arg Gly Pro Gly	
330	335
340	
gaa aat ggg gat gac agc tag gagggctggag cagggccggc cacgtgtgga	1231
Glu Asn Gly Asp Asp Ser	
345	
ctgtgggct gcccacattc cgctccctgc caccatctc cttcctggc tccaggaaag	1291
tgttctggg aggtcaggag ggctggcagc tgaacgcact tgcagcgtcc gagggccacc	1351
gggctggcat ttgtgaccc ttccctgttgc tgcgtccctgc atctcgatctg tgtgcccagg	1411
gtgtccgggg accctgcctg gctggcttaa gggggctggg tcagggcct ggcataacc	1471
tggcctcccg gggagctgag actagggtcc cagcacagcc cagaaacctt tggccacaag	1531
aagtgggtc agtcaggct gggcagggt tcactgcagt ttggatggt tgaatgcgt	1591
attttctaaa gaataaaaata tttttaatc aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa	1651
aaaaaaaaaa	1659

<211> 349

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 26

Met Ala His Gln Thr Gly Ile His Ala Thr Glu Glu Leu Lys Glu Phe
1 5 10 15

Phe Ala Lys Ala Arg Ala Gly Ser Val Arg Leu Ile Lys Val Val Ile
20 25 30

Glu Asp Glu Gln Leu Val Leu Gly Ala Ser Gln Glu Pro Val Gly Arg
35 40 45

Trp Asp Gln Asp Tyr Asp Arg Ala Val Leu Pro Leu Leu Asp Ala Gln
50 55 60

Gln Pro Cys Tyr Leu Leu Tyr Arg Leu Asp Ser Gln Asn Ala Gln Gly
65 70 75 80

Phe Glu Trp Leu Phe Leu Ala Trp Ser Pro Asp Asn Ser Pro Val Arg
85 90 95

Leu Lys Met Leu Tyr Ala Ala Thr Arg Ala Thr Val Lys Lys Glu Phe
100 105 110

Gly Gly Gly His Ile Lys Asp Glu Leu Phe Gly Thr Val Lys Asp Asp
115 120 125

Leu Ser Phe Ala Gly Tyr Gln Lys His Leu Ser Ser Cys Ala Ala Pro
130 135 140

Ala Pro Leu Thr Ser Ala Glu Arg Glu Leu Gln Gln Ile Arg Ile Asn
145 150 155 160

Gl u Val Lys Thr Glu Ile Ser Val Glu Ser Lys His Gln Thr Leu Gln
165 170 175

Gly Leu Ala Phe Pro Leu Gln Pro Glu Ala Gln Arg Ala Leu Gln Gln
180 185 190

Leu Lys Gln Lys Met Val Asn Tyr Ile Gln Met Lys Leu Asp Leu Glu
195 200 205

Arg Glu Thr Ile Glu Leu Val His Thr Glu Pro Thr Asp Val Ala Gln
210 215 220

Leu Pro Ser Arg Val Pro Arg Asp Ala Ala Arg Tyr His Phe Phe Leu
225 230 235 240

Tyr Lys His Thr His Glu Gly Asp Pro Leu Glu Ser Val Val Phe Ile
245 250 255

Tyr Ser Met Pro Gly Tyr Lys Cys Ser Ile Lys Glu Arg Met Leu Tyr
260 265 270

Ser Ser Cys Lys Ser Arg Leu Leu Asp Ser Val Glu Gln Asp Phe His
275 280 285

Leu Glu Ile Ala Lys Lys Ile Glu Ile Gly Asp Gly Ala Glu Leu Thr
290 295 300

Ala Glu Phe Leu Tyr Asp Glu Val His Pro Lys Gln His Ala Phe Lys
305 310 315 320

Gln Ala Phe Ala Lys Pro Lys Gly Pro Gly Gly Lys Arg Gly His Lys
325 330 335

Arg Leu Ile Arg Gly Pro Gly Glu Asn Gly Asp Asp Ser
340 345

<210> 27

<211> 2765

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(837)

<223>

<400> 27

gggagacgtg gtgccgctgc gggctcgctc tgccgtgcgc taggcttggt gggaaaggcct 60

gttctcgagt ccgcgccttt cgtcacccgcc atg tcg gga ggt ggt gtg att cgt 114
Met Ser Gly Gly Gly Val Ile Arg
1 5

ggc ccc gca ggg aac aac gat tgc cgc atc tac gtg ggt aac tta cct 162
Gly Pro Ala Gly Asn Asn Asp Cys Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro
10 15 20

cca gac atc cga acc aag gac att gag gac gtg ttc tac aaa tac ggc 210
Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile Glu Asp Val Phe Tyr Lys Tyr Gly
25 30 35 40

gct atc cgc gac atc gac ctc aag aat cgc cgc ggg gga ccg ccc ttc 258
Ala Ile Arg Asp Ile Asp Leu Lys Asn Arg Arg Gly Gly Pro Pro Phe
45 50 55

gcc ttc gtt gag ttc gag gac ccg cga gac gcg gaa gac gcg gtg tat 306
Ala Phe Val Glu Phe Glu Asp Pro Arg Asp Ala Glu Asp Ala Val Tyr
60 65 70

ggt cgc gac ggc tat gat tac gat ggg tac cgt ctg cgg gtg gag ttt 354
Gly Arg Asp Gly Tyr Asp Tyr Asp Gly Tyr Arg Leu Arg Val Glu Phe
75 80 85

cct cga agc ggc cgt gga aca ggc cga ggc ggc ggc ggg ggt gga ggt 402
Pro Arg Ser Gly Arg Gly Thr Gly Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly
90 95 100

ggc gga gct ccc cga ggt cgc tat ggc ccc cca tcc agg cgg tct gaa 450
Gly Gly Ala Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Pro Pro Ser Arg Arg Ser Glu
105 110 115 120

aac aga gtg gtt gtc tct gga ctg cct cca agt gga agt tgg cag gat 498
Asn Arg Val Val Val Ser Gly Leu Pro Pro Ser Gly Ser Trp Gln Asp
125 130 135

tta aag gat cac atg cgt gaa gca ggt gat gta tgt tat gct gat gtt 546
Leu Lys Asp His Met Arg Glu Ala Gly Asp Val Cys Tyr Ala Asp Val
140 145 150

tac cga gat ggc act ggt gtc gtg gag ttt gta cgg aaa gaa gat atg 594
Tyr Arg Asp Gly Thr Gly Val Val Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met
155 160 165

acc tat gca gtt cga aaa ctg gat aac act aag ttt aga tct cat gag 642
Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu Asp Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu
170 175 180

gga gaa act gcc tac atc cgg gtt aaa gtt gat ggg ccc aga agt cca 690
Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg Val Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro
185 190 195 200

agt tat gga aga tct cga tct cga agc cgt agt cgt agc aga agc cgt 738
Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg
205 210 215

agc aga agc aac agc agg agt cgc agt tac tcc cca agg aga agc aga 786
Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg
220 225 230

gga tca cca cgc tat tct ccc cgt cat agc aga tct cgc tct cgt aca 834
Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr
235 240 245

taa gatgatttgt gacacttttt gtagaaccca tgggtatac agttttcctt 887

tattcagtagt aatctttca ttttttaatt caaactgttt tggtcagaat gggttaaagt 947

gttgaattgc attcttgtaa tatcccccttg ctcctaacaat ctacattccc ttctgtctt 1007

tgataaaatg tatttttaagt gatgtcatag acaggattgt ttaaatttag ttaactccat 1067

actcttcaga ctgtgatatt gtgttaatgt ctatctgccc tggtttgtgt gaactgggat 1127

gttgggggtg tttgtggta tcttacctgg ggaagttttt atgtttatct tgctttcat 1187

gtgtctttct gttagacatat ctgaagagat ggattaagaa tgctttggat taaggattgt 1247

ggagcacatt tcaatcattt taggattgtc aaaaggagga ttgaggagga tcagatcaat 1307

aatggaggca atggtatgac tccaaatgtc attgtcacag atgaaattgg cagtattgac 1367

cttataactaa aaggcagggg ttaaaaatga ttatatacat ttcccttaaa acacttgcaa 1427

acattttatt cagttgtctt tagctacaat tgctttgttt tttaaacctt ggcaattgt 1487

gc当地点 aattttttt attgcccatt ttgttagcaac ttatttgtctt cccttcccccc cattttgtt 1547

ttaataggga ctaatgtggg aagaactggc taatgtca cagtgcttag ttacaactgt 1607

taatgtgtga cctgctgttg gtgtacatgt gggtacaggg tgggtttaaa tccaaacaaga 1667

tagagtataa tatcaatact gctaaatctg catgtccctct gtgtgactga tagagcggtt 1727

ctat ttcatt	ttttaagac	aaaatgaaag	caaaatata g	agttccaatg	tattggtgta	1787
gataatctag	ttggaatac	ttttaagtct	cacccccc	tttaaactaa	tattcataat	1847
tggttcatat	gttaaaaga	ctttaattt a	caaattaaat	tgcaa atggg	agcattagat	1907
ttagtttag	acttaggtgg	gtagcaatgc	cagtaaactt	aaattacgta	acttcttgca	1967
accacgaaac	ctgttaatacg	ctgtacagta	acaagtg ttg	gcattatcag	ttgaactgta	2027
aatac aaaaat	gcttcttcca	attagtctct	atgatgatta	agtttctaaa	at ttatctga	2087
acaccattca	gaaactt gtt	ttgggaaatt	t gatagttat	t gatgtgc a	ctgttaaact	2147
gatgacagac	ataactc a t c	attccccaga	aacctttttt	gattacagta	tcta acat t t	2207
tgcctcc tct	tttttgg ttt	tgctgg tta t	aaagg ttt gg	at tggagagg	gctcactgga	2267
tcccaatc ct	tggagctgga	tcattggatt	caa atcataa	tgtggatagg	atagg gagga	2327
tgaattaccc	aggattcatg	gagcgggatc	agattaccag	gaacatagga	gtggattcct	2387
gccccaa cca	aaccgcattc	gtgtggattt	tttattcaa	cttaattggc	tattccaaag	2447
at tttttttt	tcctat tttt	gacgattgga	gcccttaaga	tgcacgatgg	aattgtgtt	2507
tgcgtttttt	ggtaaaagga	gca aagc gag	gacctggaga	taa acgctgg	agcaatctcc	2567
tt ggaaggat	t cagcac gag	tagatggtaa	acat ttaa ag	gg gaaagg ggg	gg gttt gttt	2627
aaaatagtaa	atcagtaa gt	cacttctaaa	tttaaagaaa	aca aaaaatgg	agttgaagaa	2687
taagtaggtt	tccaaattggc	tattgccc gtt	ttctttgaaa	aaataa acat	ttttaaaaaa	2747
actaaaaaaa	aaaaaaa a					2765

<210> 28
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 28

Met	Ser	Gly	Gly	Gly	Val	Ile	Arg	Gly	Pro	Ala	Gly	Asn	Asn	Asp	Cys
1					5				10						15

Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile

20

25

30

Glu Asp Val Phe Tyr Lys Tyr Gly Ala Ile Arg Asp Ile Asp Leu Lys
35 40 45

Asn Arg Arg Gly Gly Pro Pro Phe Ala Phe Val Glu Phe Glu Asp Pro
50 55 60

Arg Asp Ala Glu Asp Ala Val Tyr Gly Arg Asp Gly Tyr Asp Tyr Asp
65 70 75 80

Gly Tyr Arg Leu Arg Val Glu Phe Pro Arg Ser Gly Arg Gly Thr Gly
85 90 95

Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Pro Arg Gly Arg Tyr
100 105 110

Gly Pro Pro Ser Arg Arg Ser Glu Asn Arg Val Val Val Ser Gly Leu
115 120 125

Pro Pro Ser Gly Ser Trp Gln Asp Leu Lys Asp His Met Arg Glu Ala
130 135 140

Gly Asp Val Cys Tyr Ala Asp Val Tyr Arg Asp Gly Thr Gly Val Val
145 150 155 160

Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu Asp
165 170 175

Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg Val
180 185 190

Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser Arg
195 200 205

Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser Arg
210 215 220

Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg
225 230 235 240

His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr
245

<210> 29
<211> 1167
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (73)..(966)
<223>

<400> 29
gc ca a c t t c t c c a g c c g g c c g g g g c g a g t g a c a c g c 60

a g a g c t g a a g c c a t g g t t c a t c a g g t g c t c t a c c g g g c g c t g g t c t c c a c c 111
Met Val His Gln Val Leu Tyr Arg Ala Leu Val Ser Thr
1 5 10

a a g t g g c t g g c g g a g g t c c a t c a g g a c t g g c a a g c t g g g g c c c g g c c t g 159
Lys Trp Leu Ala Glu Ser Ile Arg Thr Gly Lys Leu Gly Pro Gly Leu
15 20 25

c g g g t g c t g g a c g c g t c c t g g t a c t c a c c a g g c a c c c g a g g g c c c c t g 207
Arg Val Leu Asp Ala Ser Trp Tyr Ser Pro Gly Thr Arg Glu Ala Arg
30 35 40 45

a a g g a g t a c c t c g a g c g c c a c g t a c c c g g c g c t c t t t g a c a t a 255
Lys Glu Tyr Leu Glu Arg His Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asp Ile
50 55 60

g a a g a g t g c c g g g a c g a c g g c g t c g c c c t a c g a g g a t g a t g c t g c c c a g c 303
Glu Glu Cys Arg Asp Thr Ala Ser Pro Tyr Glu Met Met Leu Pro Ser
65 70 75

g a g g c t g g c t t c g c c g a g t a t g t g g g c c g c c t g g g c a t c a g c a a c c a c 351
Glu Ala Gly Phe Ala Glu Tyr Val Gly Arg Leu Gly Ile Ser Asn His
80 85 90

a c g c a c g t g g t g t a t g a t g g t g a a c a c c t g g g c a g c t t c t a t g c t 399
Thr His Val Val Val Tyr Asp Gly Glu His Leu Gly Ser Phe Tyr Ala
95 100 105

ccc cggttc tggatgttc cgtgtt ggcac cgcacc gta tca 447
 Pro Arg Val Trp Trp Met Phe Arg Val Phe Gly His Arg Thr Val Ser
 110 115 120 125

 gtgctcaatggtggttgc ttc cgg aac tgg ctg aag gag ggc cac ccg gtg 495
 Val Leu Asn Gly Gly Phe Arg Asn Trp Leu Lys Glu Gly His Pro Val
 130 135 140

 aca tcc gag ccc tca cgc cca gaa ccg gcc gtc ttc aaa gcc aca ctg 543
 Thr Ser Glu Pro Ser Arg Pro Glu Pro Ala Val Phe Lys Ala Thr Leu
 145 150 155

 gac cgc tcc ctg ctc aag acc tac gag cag gtg ctg gag aac ctt gaa 591
 Asp Arg Ser Leu Leu Lys Thr Tyr Glu Gln Val Leu Glu Asn Leu Glu
 160 165 170

 tct aag agg ttc cag ctg gtg gat tca agg tct caa ggg cgg ttc ctg 639
 Ser Lys Arg Phe Gln Leu Val Asp Ser Arg Ser Gln Gly Arg Phe Leu
 175 180 185

 ggc acc gag ccg gag ccg gat gca gta gga ctg gac tcg ggc cat atc 687
 Gly Thr Glu Pro Glu Pro Asp Ala Val Gly Leu Asp Ser Gly His Ile
 190 195 200 205

 cgt ggt gcc gtc aac atg cct ttc atg gac ttc ctg act gag gat ggc 735
 Arg Gly Ala Val Asn Met Pro Phe Met Asp Phe Leu Thr Glu Asp Gly
 210 215 220

 ttc gag aag ggc cca gaa gag ctc cgt gct ctg ttc cag acc aag aag 783
 Phe Glu Lys Gly Pro Glu Glu Leu Arg Ala Leu Phe Gln Thr Lys Lys
 225 230 235

 gtg gat ctc tcg cag cct ctc att gcc acg tgc cgc aag gga gtc acc 831
 Val Asp Leu Ser Gln Pro Leu Ile Ala Thr Cys Arg Lys Gly Val Thr
 240 245 250

 gcc tgc cac gtg gcc ttg gct gcc tac ctc tgc ggc aag cct gat gtg 879
 Ala Cys His Val Ala Leu Ala Ala Tyr Leu Cys Gly Lys Pro Asp Val
 255 260 265

 gcc gtg tac gat ggc tcc tgg tcc gag tgg ttt cgc cgg gcc ccc cca 927
 Ala Val Tyr Asp Gly Ser Trp Ser Glu Trp Phe Arg Arg Ala Pro Pro
 270 275 280 285

 gag agc cgt gtg tcc cag gga aag tct gag aag gcc tga gccgtgacct 976
 Glu Ser Arg Val Ser Gln Gly Lys Ser Glu Lys Ala
 290 295

 cttctgttta ctgttaactgc ggccggttta gtgaccccat gacttacagc cggttcttac 1036

c t c t t a g g t g a a g g a g a t g a c a t g t t t t a g a a f t g c t g t g c a a g g c t c a c c c t c t c t c t | 1 0 9 6

$\langle 210 \rangle$ 30

<211> 297

<212> PRT

213 <213> Homo sapiens

<400> 30

Met Val His Gln Val Leu Tyr Arg Ala Leu Val Ser Thr Lys Trp Leu
 1 5 10 15

Ala Glu Ser Ile Arg Thr Gly Lys Leu Gly Pro Gly Leu Arg Val Leu
 20 25 30

Asp Ala Ser Trp Tyr Ser Pro Gly Thr Arg Glu Ala Arg Lys Glu Tyr
35 40 45

Arg Asp Thr Ala Ser Pro Tyr Glu Met Met Leu Pro Ser Glu Ala Gly
65 70 75 80

Phe Ala Glu Tyr Val Gly Arg Leu Gly Ile Ser Asn His Thr His Val
 85 90 95

Val Val Tyr Asp Gly Glu His Leu Gly Ser Phe Tyr Ala Pro Arg Val
100 105 110

Trp Trp Met Phe Arg Val Phe Gly His Arg Thr Val Ser Val Leu Asn
115 120 125

Gly Gly Phe Arg Asn Trp Leu Lys Glu Gly His Pro Val Thr Ser Glu
 130 135 140

Pro Ser Arg Pro Glu Pro Ala Val Phe Lys Ala Thr Leu Asp Arg Ser
145 150 155 160

Leu Leu Lys Thr Tyr Glu Gln Val Leu Glu Asn Leu Glu Ser Lys Arg
165 170 175

Phe Gln Leu Val Asp Ser Arg Ser Gln Gly Arg Phe Leu Gly Thr Glu
180 185 190

Pro Glu Pro Asp Ala Val Gly Leu Asp Ser Gly His Ile Arg Gly Ala
195 200 205

Val Asn Met Pro Phe Met Asp Phe Leu Thr Glu Asp Gly Phe Glu Lys
210 215 220

Gly Pro Glu Glu Leu Arg Ala Leu Phe Gln Thr Lys Lys Val Asp Leu
225 230 235 240

Ser Gln Pro Leu Ile Ala Thr Cys Arg Lys Gly Val Thr Ala Cys His
245 250 255

Val Ala Leu Ala Ala Tyr Leu Cys Gly Lys Pro Asp Val Ala Val Tyr
260 265 270

Asp Gly Ser Trp Ser Glu Trp Phe Arg Arg Ala Pro Pro Glu Ser Arg
275 280 285

Val Ser Gln Gly Lys Ser Glu Lys Ala
290 295

<210> 31

<211> 2110

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (48)..(1346)

<223>

<400> 31

ctgaggccca	gc	cc	cc	ttcg	cc	cg	tttcca	tc	ac	ga	gt	gc	cg	cc	ag	at	g	t	c	t	g	a	c	56		
																									Met Ser Asp	
																									1	
aaa	ctg	ccc	ta	c	aa	gtc	gc	cc	ga	c	at	gc	ct	g	cc	tg	gg	g	ga	cg	c	104				
Lys	Leu	Pro	Tyr	Lys	Val	Ala	Asp	Ile	Gly	Leu	Ala	Ala	Trp	Gly	Ala											
																									5	
5																									10	
																									15	
aag	gcc	ctg	ga	c	att	g	ct	ga	g	aa	ga	g	at	g	cc	gg	cc	ct	g	at	g	cg	t	at	g	152
Lys	Ala	Leu	Asp	Ile	Ala	Glu	Asn	Glu	Met	Pro	Gly	Leu	Met	Arg	Met											
20																									25	
																									30	
																									35	
cgg	ga	cg	ta	c	tc	g	cc	tc	a	ag	cc	ct	g	a	gg	cc	cc	cg	c	at	c	gt	at	g	200	
Arg	Glu	Arg	Tyr	Ser	Ala	Ser	Lys	Pro	Leu	Lys	Gly	Ala	Arg	Ile	Ala											
																									40	
																									45	
																									50	
g	gc	tg	ct	g	ca	at	g	ac	gt	ga	ac	g	cc	gt	ct	ct	at	g	ag	ac	cc	ct	c	248		
Gly	Cys	Leu	His	Met	Thr	Val	Glu	Thr	Ala	Val	Leu	Ile	Glu	Thr	Leu											
																									55	
																									60	
																									65	
g	tc	ac	ct	g	gg	gt	g	ag	gt	ca	tg	tg	gg	tc	cc	ag	tc	cc	tt	tc	cc	c	t	296		
Val	Thr	Leu	Gly	Ala	Glu	Val	Gln	Trp	Ser	Ser	Cys	Asn	Ile	Phe	Ser											
																									70	
																									75	
																									80	
acc	c	ag	ga	c	at	g	cg	g	cg	g	ct	g	cc	at	g	cc	at	cc	g	tg	c	cc	gt	c	344	
Thr	Gln	Asp	His	Ala	Ala	Ala	Ala	Ile	Ala	Lys	Ala	Gly	Ile	Pro	Val											
																									85	
																									90	
																									95	
ta	t	at	g	cc	tg	g	aa	gg	gc	g	aa	ac	g	ac	g	cc	tg	tg	gg	tg	c	at	tg	g	392	
Tyr	Ala	Trp	Lys	Gly	Glu	Thr	Asp	Glu	Glu	Tyr	Leu	Trp	Cys	Ile	Glu											
																									100	
																									105	
																									110	
																									115	
cag	ac	cc	ct	g	ta	c	tc	a	ag	ga	gg	cc	cc	ct	a	ac	at	g	at	ct	g	ac	g	ac	440	
Gln	Thr	Leu	Tyr	Phe	Lys	Asp	Gly	Pro	Leu	Asn	Met	Ile	Leu	Asp	Asp											
																									120	
																									125	
																									130	
g	gg	g	gc	g	ac	c	tc	ac	c	ac	a	ag	ta	c	cc	c	ag	c	tt	ct	ct	g	tg	g	488	
Gly	Gly	Asp	Leu	Thr	Asn	Leu	Ile	His	Thr	Lys	Tyr	Pro	Gln	Leu	Leu											
																									135	
																									140	
																									145	
cca	gg	c	at	c	ga	gg	gc	at	c	tc	at	c	ac	cc	ac	at	g	gg	gt	c	c	ac	aa	536		
Pro	Gly	Ile	Arg	Gly	Ile	Ser	Glu	Glu	Thr	Thr	Thr	Gly	Val	His	Asn											
																									150	
																									155	
																									160	
ctc	ta	c	a	ag	at	g	at	g	cc	aa	tt	gg	at	cc	ct	aa	gt	tg	c	ct	gt	cc	at	aa	584	
Leu	Tyr	Lys	Met	Met	Ala	Asn	Gly	Ile	Leu	Lys	Val	Pro	Ala	Ile	Asn											
																									165	
																									170	
																									175	
gtc	aat	ga	c	tcc	gtc	ac	c	a	ag	ag	c	ttt	gac	a	ac	c	tc	ta	t	gtc	cc	tg	gc	tc	632	

Val Asn Asp Ser Val Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Leu Tyr Gly Cys
180 185 190 195

cgg gag tcc ctc ata gat ggc atc aag cgg gcc aca gat gtg atg att 680
Arg Glu Ser Leu Ile Asp Gly Ile Lys Arg Ala Thr Asp Val Met Ile
200 205 210

gcc ggc aag gta gcg gtg gta gca ggc tat ggt gat gtg ggc aag ggc 728
Ala Gly Lys Val Ala Val Ala Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly
215 220 225

tgt gcc cag gcc ctg cgg ggt ttc gga gcc cgc gtc atc atc acc gag 776
Cys Ala Gln Ala Leu Arg Gly Phe Gly Ala Arg Val Ile Ile Thr Glu
230 235 240

att gac ccc atc aac gca ctg cag gct gcc atg gag ggc tat gag tgt 824
Ile Asp Pro Ile Asn Ala Leu Gln Ala Ala Met Glu Gly Tyr Glu Val
245 250 255

acc acc atg gat gag gcc tgt cag gag ggc aac atc ttt gtc acc acc 872
Thr Thr Met Asp Glu Ala Cys Gln Glu Gly Asn Ile Phe Val Thr Thr
260 265 270 275

aca ggc tgt att gac atc atc ctt ggc cgg cac ttt gag cag atg aag 920
Thr Gly Cys Ile Asp Ile Ile Leu Gly Arg His Phe Glu Gln Met Lys
280 285 290

gat gat gcc att gtg tgt aac att gga cac ttt gac gtg gag atc gat 968
Asp Asp Ala Ile Val Cys Asn Ile Gly His Phe Asp Val Glu Ile Asp
295 300 305

gtc aag tgg ctc aac gag aac gcc gtg gag aag gtg aac atc aag ccg 1016
Val Lys Trp Leu Asn Glu Asn Ala Val Glu Lys Val Asn Ile Lys Pro
310 315 320

cag gtg gac cgg tat cgg ttg aag aat ggg cgc cgc atc atc ctg ctg 1064
Gln Val Asp Arg Tyr Arg Leu Lys Asn Gly Arg Arg Ile Ile Leu Leu
325 330 335

gcc gag ggt cgg ctg gtc aac ctg ggt tgt gcc atg ggc cac ccc agc 1112
Ala Glu Gly Arg Leu Val Asn Leu Gly Cys Ala Met Gly His Pro Ser
340 345 350 355

ttc gtg atg agt aac tcc ttc acc aac cag gtg atg gcg cag atc gag 1160
Phe Val Met Ser Asn Ser Phe Thr Asn Gln Val Met Ala Gln Ile Glu
360 365 370

ctg tgg acc cat cca gac aag tac ccc gtt ggg gtt cat ttc ctg ccc 1208
Leu Trp Thr His Pro Asp Lys Tyr Pro Val Gly Val His Phe Leu Pro
375 380 385

aag aag ctg gat gag gca gtg gct gaa gcc cac ctg ggc aag ctg aat	1256
Lys Lys Leu Asp Glu Ala Val Ala Glu Ala His Leu Gly Lys Leu Asn	
390 395 400	
gtg aag ttg acc aag cta act gag aag caa gcc cag tac ctg ggc atg	1304
Val Lys Leu Thr Lys Leu Thr Glu Lys Gln Ala Gln Tyr Leu Gly Met	
405 410 415	
tcc tgt gat ggc ccc ttc aag ccg gat cac tac cgc tac tga	1346
Ser Cys Asp Gly Pro Phe Lys Pro Asp His Tyr Arg Tyr	
420 425 430	
gagccaggc tgcgtttcac cctccagctg ctgtccttgc ccaggccccca cctctccctcc	1406
ctaagagcta atggcaccaa ctgttgact ggtttgtcag tgtccccat cgactctctg	1466
ggctgtatca ctttagtttt ggcctctgct gcagccgtca tactgttcca aatgtggcag	1526
cggAACAGA gtaccctctt caagccccgg tcatacgatggaa ggtcccagcc acagggAACCC	1586
atgagctcag tggctttggaa acagctcaact aagtcaagtcc ttcccttagcc tggaaagccag	1646
tagtggagtc acaaagccca tgtgtttgc catctaggcc ttcacctggc ctgtggactt	1706
ataccctgtgt gcttggttta caggtccagt ggttcttcag cccatgacag atgagaaggg	1766
gctatatattga agggcaaaga ggaactgttg tttgaatttt cctgagagcc tggcttagtg	1826
ctgggccttc tcttaaacct cattacaatg aggttagtac tttagtccc tgttttacag	1886
gggttagaat agactgttaa gggcaactg agaaagaaca gagaagtgac agctaggggt	1946
ttagaggggc cagaaaaaca tgaatgcagg cagatttcgt gaaatctgcc accactttat	2006
aaccagatgg ttcccttcac aaccctgggt caaaaagaga ataatttggc ctataatgtt	2066
aaaagaaagc aggaaggtgg gtaaataaaa atcttggtgc ctgg	2110

<210> 32
<211> 432
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 32

Met Ser Asp Lys Leu Pro Tyr Lys Val Ala Asp Ile Gly Leu Ala Ala	
1 5 10 15	

Trp Gly Arg Lys Ala Leu Asp Ile Ala Glu Asn Glu Met Pro Gly Leu
20 25 30

Met Arg Met Arg Glu Arg Tyr Ser Ala Ser Lys Pro Leu Lys Gly Ala
35 40 45

Arg Ile Ala Gly Cys Leu His Met Thr Val Glu Thr Ala Val Leu Ile
50 55 60

Glu Thr Leu Val Thr Leu Gly Ala Glu Val Gln Trp Ser Ser Cys Asn
65 70 75 80

Ile Phe Ser Thr Gln Asp His Ala Ala Ala Ala Ile Ala Lys Ala Gly
85 90 95

Ile Pro Val Tyr Ala Trp Lys Gly Glu Thr Asp Glu Glu Tyr Leu Trp
100 105 110

Cys Ile Glu Gln Thr Leu Tyr Phe Lys Asp Gly Pro Leu Asn Met Ile
115 120 125

Leu Asp Asp Gly Gly Asp Leu Thr Asn Leu Ile His Thr Lys Tyr Pro
130 135 140

Gln Leu Leu Pro Gly Ile Arg Gly Ile Ser Glu Glu Thr Thr Thr Gly
145 150 155 160

Val His Asn Leu Tyr Lys Met Met Ala Asn Gly Ile Leu Lys Val Pro
165 170 175

Ala Ile Asn Val Asn Asp Ser Val Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Leu
180 185 190

Tyr Gly Cys Arg Glu Ser Leu Ile Asp Gly Ile Lys Arg Ala Thr Asp
195 200 205

Val Met Ile Ala Gly Lys Val Ala Val Val Ala Gly Tyr Gly Asp Val

210

215

220

Gly Lys Gly Cys Ala Gln Ala Leu Arg Gly Phe Gly Ala Arg Val Ile
225 230 235 240

Ile Thr Glu Ile Asp Pro Ile Asn Ala Leu Gln Ala Ala Met Glu Gly
245 250 255

Tyr Glu Val Thr Thr Met Asp Glu Ala Cys Gln Glu Gly Asn Ile Phe
260 265 270

Val Thr Thr Thr Gly Cys Ile Asp Ile Ile Leu Gly Arg His Phe Glu
275 280 285

Gln Met Lys Asp Asp Ala Ile Val Cys Asn Ile Gly His Phe Asp Val
290 295 300

Glut Ile Asp Val Lys Trp Leu Asn Glu Asn Ala Val Glu Lys Val Asn
305 310 315 320

Ile Lys Pro Gln Val Asp Arg Tyr Arg Leu Lys Asn Gly Arg Arg Ile
325 330 335

Ile Leu Leu Ala Glu Gly Arg Leu Val Asn Leu Gly Cys Ala Met Gly
340 345 350

His Pro Ser Phe Val Met Ser Asn Ser Phe Thr Asn Gln Val Met Ala
355 360 365

Gln Ile Glu Leu Trp Thr His Pro Asp Lys Tyr Pro Val Gly Val His
370 375 380

Phe Leu Pro Lys Lys Leu Asp Glu Ala Val Ala Glu Ala His Leu Gly
385 390 395 400

Lys Leu Asn Val Lys Leu Thr Lys Leu Thr Glu Lys Gln Ala Gln Tyr
405 410 415

Leu Gly Met Ser Cys Asp Gly Pro Phe Lys Pro Asp His Tyr Arg Tyr
420 425 430

<210> 33
<211> 1698
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (191)..(1309)
<223>

<400> 33
ccccggccctc cctgcacggc ctcccggtcg cccctgtcag actgtggcgg ccggtcgcgc 60
ggtgcgctct ccctccctgc ccgcagcctg gagaggcgct tcgtgctgca caccccccgg 120
ttcctgcccc caccggcgct gccctctgcc gcgcgtccggcc ctggccggca ccgcacggcc 180
gcgcggggac atg gca cac gca ccg gca cgc tgc ccc agc gcc cgg ggc 229
Met Ala His Ala Pro Ala Arg Cys Pro Ser Ala Arg Gly
1 5 10
tcc ggg gac ggc gag atg ggc aag ccc agg aac gtg gcg ctc atc acc 277
Ser Gly Asp Gly Glu Met Gly Lys Pro Arg Asn Val Ala Leu Ile Thr
15 20 25
ggt atc aca ggc cag gat ggt tcc tac ctg gct gag ttc ctg ctg gag 325
Gly Ile Thr Gly Gln Asp Gly Ser Tyr Leu Ala Glu Phe Leu Leu Glu
30 35 40 45
aaa ggc tat gag gtc cat gga att gta cgg cgg tcc agt tca ttt aat 373
Lys Gly Tyr Glu Val His Gly Ile Val Arg Arg Ser Ser Ser Phe Asn
50 55 60
acg ggt cga att gag cat ctg tat aag aat ccc cag gct cac att gaa 421
Thr Gly Arg Ile Glu His Leu Tyr Lys Asn Pro Gln Ala His Ile Glu
65 70 75
gga aac atg aag ttg cac tat ggc gat ctc act gac agt acc tgc ctt 469
Gly Asn Met Lys Leu His Tyr Gly Asp Leu Thr Asp Ser Thr Cys Leu
80 85 90
gtg aag atc att aat gaa gta aag ccc aca gag atc tac aac ctt gga 517
Val Lys Ile Ile Asn Glu Val Lys Pro Thr Glu Ile Tyr Asn Leu Gly
95 100 105

gcc cag agc cac gtc aaa att tcc ttt gac ctc gct gag tac act gcg	565		
Ala Gln Ser His Val Lys Ile Ser Phe Asp Leu Ala Glu Tyr Thr Ala			
110	115	120	125
gac gtt gac gga gtt ggc act cta cga ctt cta gat gca gtt aag act	613		
Asp Val Asp Gly Val Gly Thr Leu Arg Leu Leu Asp Ala Val Lys Thr			
130	135	140	
tgt ggc ctt atc aac tct gtg aag ttc tac caa gcc tca aca agt gaa	661		
Cys Gly Leu Ile Asn Ser Val Lys Phe Tyr Gln Ala Ser Thr Ser Glu			
145	150	155	
ctt tat ggg aaa gtg cag gaa ata ccc cag aag gag acc acc cct ttc	709		
Leu Tyr Gly Lys Val Gln Glu Ile Pro Gln Lys Glu Thr Thr Pro Phe			
160	165	170	
tat ccc cggtca ccc tat ggg gca gca aaa ctc tat gcc tat tgg att	757		
Tyr Pro Arg Ser Pro Tyr Gly Ala Ala Lys Leu Tyr Ala Tyr Trp Ile			
175	180	185	
gtg gtg aac ttc cgt gag gcg tat aat ctc ttt gca gtg aac ggc att	805		
Val Val Asn Phe Arg Glu Ala Tyr Asn Leu Phe Ala Val Asn Gly Ile			
190	195	200	205
ctc ttc aat cat gag agt ccc aga aga gga gct aat ttc gtt act cga	853		
Leu Phe Asn His Glu Ser Pro Arg Arg Gly Ala Asn Phe Val Thr Arg			
210	215	220	
aaa att agc cgg tca gta gct aag att tac ctt gga caa ctg gaa tgt	901		
Lys Ile Ser Arg Ser Val Ala Lys Ile Tyr Leu Gly Gln Leu Glu Cys			
225	230	235	
ttc agt ttg gga aat ctg gat gcc aaa cga gat tgg ggc cat gcc aag	949		
Phe Ser Leu Gly Asn Leu Asp Ala Lys Arg Asp Trp Gly His Ala Lys			
240	245	250	
gac tat gtg gag gct atg tgg ttg atg ttg cag aat gat gag ccg gag	997		
Asp Tyr Val Glu Ala Met Trp Leu Met Leu Gln Asn Asp Glu Pro Glu			
255	260	265	
gac ttc gtt ata gct act ggg gag gtc cat agt gtc cgg gaa ttt gtc	1045		
Asp Phe Val Ile Ala Thr Gly Glu Val His Ser Val Arg Glu Phe Val			
270	275	280	285
gag aaa tca ttc ttg cac att gga aaa acc att gtg tgg gaa gga aag	1093		
Glu Lys Ser Phe Leu His Ile Gly Lys Thr Ile Val Trp Glu Gly Lys			
290	295	300	
aat gaa aat gaa gtg ggc aga tgt aaa gag acc ggc aaa gtt cac gtg	1141		
Asn Glu Asn Glu Val Gly Arg Cys Lys Glu Thr Gly Lys Val His Val			

305

310

315

act gtc gat ctc aag tac tac cgg cca act gaa gtg gac ttt ctg cag	1189
Thr Val Asp Leu Lys Tyr Tyr Arg Pro Thr Glu Val Asp Phe Leu Gln	
320 325 330	
ggc gac tgc acc aaa gcg aaa cag aag ctg aac tgg aag ccc cgg gtc	1237
Gly Asp Cys Thr Lys Ala Lys Gln Lys Leu Asn Trp Lys Pro Arg Val	
335 340 345	
gct ttc gat gag ctg gtg agg gag atg gtg cac gcc gac gtg gag ctc	1285
Ala Phe Asp Glu Leu Val Arg Glu Met Val His Ala Asp Val Glu Leu	
350 355 360 365	
atg agg aca aac ccc aat gcc tga gcagcgcctc ggagccccggc ccggccctccg	1339
Met Arg Thr Asn Pro Asn Ala	
370	
gctacaatcc ccgcagagtc tccggtgtcag acgcgcgtgc gggatggggg a cggcgtgcc	1399
aatctgcggg tcccctgcgg cccctgcgtc cgctgcgc tgcccccgc aagagcgggg	1459
ccgcggcc gaggtttta gcagccgggta tgtgaccctc cagggtttgg gtcgcgtttgc	1519
gtttgtcgaa gcctcccttg aatggctttg taaaatcaag atgttttaat cacattcact	1579
ttacttgaaa ttatgttgtt acacaacaaa ttgtggggcc ttcaaattgt tttcttttt	1639
tcatattaaa aatggtcttt ctgtgaacta gaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa	1698

<210> 34
 <211> 372
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 34

Met Ala His Ala Pro Ala Arg Cys Pro Ser Ala Arg Gly Ser Gly Asp
1 5 10 15

Gly Gln Asp Gly Ser Tyr Leu Ala Glu Phe Leu Leu Glu Lys Gly Tyr
 35 40 45

Glu Val His Gly Ile Val Arg Arg Ser Ser Ser Phe Asn Thr Gly Arg
50 55 60

Ile Glu His Leu Tyr Lys Asn Pro Gln Ala His Ile Glu Gly Asn Met
65 70 75 80

Lys Leu His Tyr Gly Asp Leu Thr Asp Ser Thr Cys Leu Val Lys Ile
85 90 95

Ile Asn Glu Val Lys Pro Thr Glu Ile Tyr Asn Leu Gly Ala Gln Ser
100 105 110

His Val Lys Ile Ser Phe Asp Leu Ala Glu Tyr Thr Ala Asp Val Asp
115 120 125

Gly Val Gly Thr Leu Arg Leu Leu Asp Ala Val Lys Thr Cys Gly Leu
130 135 140

Ile Asn Ser Val Lys Phe Tyr Gln Ala Ser Thr Ser Glu Leu Tyr Gly
145 150 155 160

Lys Val Gln Glu Ile Pro Gln Lys Glu Thr Thr Pro Phe Tyr Pro Arg
165 170 175

Ser Pro Tyr Gly Ala Ala Lys Leu Tyr Ala Tyr Trp Ile Val Val Asn
180 185 190

Phe Arg Glu Ala Tyr Asn Leu Phe Ala Val Asn Gly Ile Leu Phe Asn
195 200 205

His Glu Ser Pro Arg Arg Gly Ala Asn Phe Val Thr Arg Lys Ile Ser
210 215 220

Arg Ser Val Ala Lys Ile Tyr Leu Gly Gln Leu Glu Cys Phe Ser Leu
225 230 235 240

Gly Asn Leu Asp Ala Lys Arg Asp Trp Gly His Ala Lys Asp Tyr Val
245 250 255

Gl u Ala Met Tr p Leu Met Leu Gln Asn Asp Glu Pro Glu Asp Phe Val
260 265 270

Ile Ala Thr Gly Glu Val His Ser Val Arg Glu Phe Val Glu Lys Ser
275 280 285

Phe Leu His Ile Gly Lys Thr Ile Val Tr p Glu Gly Lys Asn Glu Asn
290 295 300

Gl u Val Gly Arg Cys Lys Glu Thr Gly Lys Val His Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Leu Lys Tyr Tyr Arg Pro Thr Glu Val Asp Phe Leu Gln Gly Asp Cys
325 330 335

Thr Lys Ala Lys Gln Lys Leu Asn Tr p Lys Pro Arg Val Ala Phe Asp
340 345 350

Gl u Leu Val Arg Glu Met Val His Ala Asp Val Glu Leu Met Arg Thr
355 360 365

Asn Pro Asn Ala
370

<210> 35

<211> 2963

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (26)..(2317)

<223>

<400> 35

ccactgctgt cctcttcagc tcaag atg gtg gcc tgc cgg gcg att ggc atc 52
Met Val Ala Cys Arg Ala Ile Gly Ile
1 5

ctc agc cgc ttt tct gcc ttc agg atc ctc cgc tcc cga ggt tat ata 100

gtt	gac	caa	ctg	gtg	gaa	ccc	ctg	gga	cca	gga	cta	aaa	cct	cca	gag	724	
Val	Asp	Gln	Leu	Val	Glu	Pro	Leu	Gly	Pro	Gly	Leu	Lys	Pro	Pro	Glu		
							220		225			230					
gaa	cgg	aca	ata	gaa	tac	cta	gaa	gaa	gtt	gca	att	act	ttt	gcc	aaa	772	
Glu	Arg	Thr	Ile	Glu	Tyr	Leu	Glu	Glu	Val	Ala	Ile	Thr	Phe	Ala	Lys		
							235		240			245					
gga	cta	gct	gat	aag	aag	atc	tct	cca	aag	aga	gac	aag	gga	ttg	gtg	820	
Gly	Leu	Ala	Asp	Lys	Lys	Ile	Ser	Pro	Lys	Arg	Asp	Lys	Gly	Leu	Val		
							250		255			260			265		
gaa	aaa	ttg	aca	gcg	tat	gcc	atg	act	att	cca	ttt	gtc	agg	caa	cag	868	
Glu	Lys	Leu	Thr	Ala	Tyr	Ala	Met	Thr	Ile	Pro	Phe	Val	Arg	Gln	Gln		
							270		275			280					
gtt	tac	aaa	aaa	gtg	gaa	gaa	aaa	gtg	cga	aag	cag	act	aaa	ggc	ctt	916	
Val	Tyr	Lys	Lys	Val	Glu	Glu	Lys	Val	Arg	Lys	Gln	Thr	Lys	Gly	Leu		
							285		290			295					
tat	cct	gca	cct	ctg	aaa	ata	att	gat	gtg	gta	aag	act	gga	att	gag	964	
Tyr	Pro	Ala	Pro	Leu	Lys	Ile	Ile	Asp	Val	Val	Lys	Thr	Gly	Ile	Glu		
							300		305			310					
caa	ggg	agt	gat	gcc	ggt	tat	ctc	tgt	gaa	tct	cag	aaa	ttt	gga	gag	1012	
Gln	Gly	Ser	Asp	Ala	Gly	Tyr	Leu	Cys	Glu	Ser	Gln	Lys	Phe	Gly	Glu		
							315		320			325					
ctt	gta	atg	acc	aaa	gaa	tca	aag	gcc	ttg	atg	gga	ctc	tc	ta	cat	gg	1060
Leu	Val	Met	Thr	Lys	Glu	Ser	Lys	Ala	Leu	Met	Gly	Leu	Tyr	His	Gly		
							330		335			340			345		
cag	gtc	ctg	tgc	aag	aag	aat	aaa	ttt	gga	gct	cca	cag	aag	gat	gtt	1108	
Gln	Val	Leu	Cys	Lys	Lys	Asn	Lys	Phe	Gly	Ala	Pro	Gln	Lys	Asp	Val		
							350		355			360					
aag	cat	ctg	gct	att	ctt	ggt	gca	ggg	ctg	atg	gga	gca	ggc	atc	gcc	1156	
Lys	His	Leu	Ala	Ile	Leu	Gly	Ala	Gly	Leu	Met	Gly	Ala	Gly	Ile	Ala		
							365		370			375					
caa	gtc	tcc	gtg	gat	aag	ggg	cta	aag	act	ata	ctt	aaa	gat	gcc	acc	1204	
Gln	Val	Ser	Val	Asp	Lys	Gly	Leu	Lys	Thr	Ile	Leu	Lys	Asp	Ala	Thr		
							380		385			390					
ctc	act	gcg	cta	gac	cga	gga	cag	caa	caa	gtg	ttc	aaa	gga	ttg	aat	1252	
Leu	Thr	Ala	Leu	Asp	Arg	Gly	Gln	Gln	Gln	Val	Phe	Lys	Gly	Leu	Asn		
							395		400			405					
gac	aaa	gtg	aag	aag	aaa	gct	cta	aca	tca	ttt	gaa	agg	gat	tcc	atc	1300	

Asp Lys Val Lys Lys Ala Leu Thr Ser Phe Glu Arg Asp Ser Ile
410 415 420 425

tcc agc aac ttg act ggg cag ctt gat tac caa ggt ttt gaa aag gcc 1348
Phe Ser Asn Leu Thr Gly Gln Leu Asp Tyr Gln Gly Phe Glu Lys Ala
430 435 440

gac atg gtg att gaa gct gtg ttt gag gac ctt agt ctt aag cac aga 1396
Asp Met Val Ile Glu Ala Val Phe Glu Asp Leu Ser Leu Lys His Arg
445 450 455

gtg cta aag gaa gta gaa gcg gtg att cca gat cac tgt atc ttt gcc 1444
Val Leu Lys Glu Val Glu Ala Val Ile Pro Asp His Cys Ile Phe Ala
460 465 470

agt aac aca tct gct ctc cca atc agt gaa atc gct gct gtc agc aaa 1492
Ser Asn Thr Ser Ala Leu Pro Ile Ser Glu Ile Ala Ala Val Ser Lys
475 480 485

aga cct gag aag gtg att ggc atg cac tac ttc tct ccc gtg gac aag 1540
Arg Pro Glu Lys Val Ile Gly Met His Tyr Phe Ser Pro Val Asp Lys
490 495 500 505

atg cag ctg ctg gag att atc acg acc gag aaa act tcc aaa gac acc 1588
Met Gln Leu Leu Glu Ile Ile Thr Thr Glu Lys Thr Ser Lys Asp Thr
510 515 520

agt gct tca gct gta gca gtt ggt ctc aag cag ggg aag gtc atc att 1636
Ser Ala Ser Ala Val Ala Val Gly Leu Lys Gln Gly Lys Val Ile Ile
525 530 535

gtg gtt aag gat gga cct ggc ttc tat act acc agg tgt ctt gcg ccc 1684
Val Val Lys Asp Gly Pro Gly Phe Tyr Thr Arg Cys Leu Ala Pro
540 545 550

atg atg tct gaa gtc atc cga atc ctc cag gaa gga gtt gac ccg aag 1732
Met Met Ser Glu Val Ile Arg Ile Leu Gln Glu Gly Val Asp Pro Lys
555 560 565

aag ctg gat tcc ctg acc aca agc ttt ggc ttt cct gtg ggt gcc gcc 1780
Lys Leu Asp Ser Leu Thr Thr Ser Phe Gly Phe Pro Val Gly Ala Ala
570 575 580 585

aca ctg gtg gat gaa gtt ggt gtg gat gta gcg aaa cat gtg gcg gaa 1828
Thr Leu Val Asp Glu Val Gly Val Asp Val Ala Lys His Val Ala Glu
590 595 600

gat ctg ggc aaa gtc ttt ggg gag cgg ttt gga ggt gga aac cca gaa 1876
Asp Leu Gly Lys Val Phe Gly Glu Arg Phe Gly Gly Asn Pro Glu
605 610 615

ctg	ctg	aca	cag	atg	gtg	tcc	aag	ggc	ttc	cta	ggt	cgt	aaa	tct	ggg	1924		
Leu	Leu	Thr	Gln	Met	Val	Ser	Lys	Gly	Phe	Leu	Gly	Arg	Lys	Ser	Gly			
																620		
																625		
																630		
aag	ggc	ttt	tac	atc	tat	cag	gag	ggt	gtg	aag	agg	aag	gat	ttg	aat	1972		
Lys	Gly	Phe	Tyr	Ile	Tyr	Gln	Glu	Gly	Val	Lys	Arg	Lys	Asp	Leu	Asn			
																635		
																640		
																645		
tct	gac	atg	gat	agt	att	tta	gcg	agt	ctg	aag	ctg	cct	cct	aag	tct	2020		
Ser	Asp	Met	Asp	Ser	Ile	Leu	Ala	Ser	Leu	Lys	Leu	Pro	Pro	Lys	Ser			
																650		
																655		
																660		
																665		
gaa	gtc	tca	tca	gac	gaa	gac	atc	cag	ttc	cgc	ctg	gtg	aca	aga	ttt	2068		
Glu	Val	Ser	Ser	Asp	Glu	Asp	Ile	Gln	Phe	Arg	Leu	Val	Thr	Arg	Phe			
																670		
																675		
																680		
gtg	aat	gag	gca	gtc	atg	tgc	ctg	caa	gag	ggg	atc	ttg	gcc	aca	cct	2116		
Val	Asn	Glu	Ala	Val	Met	Cys	Leu	Gln	Glu	Gly	Ile	Leu	Ala	Thr	Pro			
																685		
																690		
																695		
gca	gag	gga	gac	atc	gga	gcc	gtc	ttt	ggg	ctt	ggc	ttc	ccg	cct	tgt	2164		
Ala	Glu	Gly	Asp	Ile	Gly	Ala	Val	Phe	Gly	Leu	Gly	Phe	Pro	Pro	Cys			
																700		
																705		
																710		
ctg	gga	ggg	cct	ttc	cgc	ttt	gtg	gat	ctg	tat	ggc	gcc	cag	aag	ata	2212		
Leu	Gly	Gly	Pro	Phe	Arg	Phe	Val	Asp	Leu	Tyr	Gly	Ala	Gln	Lys	Ile			
																715		
																720		
																725		
gtg	gac	cgg	ctc	aag	aaa	tat	gaa	gct	gcc	tat	gga	aaa	cag	ttc	acc	2260		
Val	Asp	Arg	Leu	Lys	Lys	Tyr	Glu	Ala	Ala	Tyr	Gly	Lys	Gln	Phe	Thr			
																730		
																735		
																740		
																745		
cca	tgc	cag	ctg	cta	gct	gac	cat	gct	aac	agc	cct	aac	aag	aag	ttc	2308		
Pro	Cys	Gln	Leu	Leu	Ala	Asp	His	Ala	Asn	Ser	Pro	Asn	Lys	Lys	Phe			
																750		
																755		
																760		
tac	cag	tga	gcaggcctca	tgccctcgctc	agtca	gtgc	atgt	ctaa	cccc	ccag	tt	at	tc	aa	gg	aa	2357	
Tyr	Gln																	
ctgccggcag	tgctggttct	ccaa	acagagt	ggtgtctaga	tttatc	agag	taac	ggaga	aa	gg	tt	at	tc	aa	gg	aa	2417	
acaaaactccg	gcactgggtt	tgctccctga	ttaa	aggtagc	ttc	aggccaa	accat	tc	tt	at	tc	aa	gg	tt	at	tc	2477	
cctccctggtg	aagtgtgact	tcgaatt	tagt	ttgcacttcc	tat	tggaa	agg	ta	ggcccac	cc	at	tc	aa	gg	tt	at	tc	2537
tgctcattgt	ataagccccg	aggcct	tagag	tggcagccaa	gagccat	ctg	aagcc	ac	tc	tt	at	tc	aa	gg	tt	at	tc	2597
tctgcctgtt	cctcccaaga	ggcc	agggtg	gccagggtg	gtg	aggggcag	ttct	gcaccc	cc	at	tc	aa	gg	tt	at	tc	2657	

agccaaacac ataacaataa aaaccaaact ctgtgtcagc atcttgc
ttctgggta 2717
aacgcctcct tcaaaaagca atctggaaga aagccctgtg ctttgggg
gtaagaatgt 2777
gtgtgcagaa ttctaggcag caccttaggg agggactggg atgagagaaa
gtgggacctg 2837
gtgggctcaa ccacacacac ctgtctgtgc agatgctttg cccaggcttc
tcaccacgg 2897
gtaccggat attaaacctc tttccccagc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa
aaaaaaaaaa 2957
aaaaaaa 2963

<210> 36
<211> 763
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 36

Met Val Ala Cys Arg Ala Ile Gly Ile Leu Ser Arg Phe Ser Ala Phe
1 5 10 15

Arg Ile Leu Arg Ser Arg Gly Tyr Ile Cys Arg Asn Phe Thr Gly Ser
20 25 30

Ser Ala Leu Leu Thr Arg Thr His Ile Asn Tyr Gly Val Lys Gly Asp
35 40 45

Val Ala Val Val Arg Ile Asn Ser Pro Asn Ser Lys Val Asn Thr Leu
50 55 60

Ser Lys Glu Leu His Ser Glu Phe Ser Glu Val Met Asn Glu Ile Trp
65 70 75 80

Ala Ser Asp Gln Ile Arg Ser Ala Val Leu Ile Ser Ser Lys Pro Gly
85 90 95

Cys Phe Ile Ala Gly Ala Asp Ile Asn Met Leu Ala Ala Cys Lys Thr
100 105 110

Leu Gln Glu Val Thr Gln Leu Ser Gln Glu Ala Gln Arg Ile Val Glu

115

120

125

Lys Leu Glu Lys Ser Thr Lys Pro Ile Val Ala Ala Ile Asn Gly Ser
130 135 140

Cys Leu Gly Gly Leu Glu Val Ala Ile Ser Cys Gln Tyr Arg Ile
145 150 155 160

Ala Thr Lys Asp Arg Lys Thr Val Leu Gly Thr Pro Glu Val Leu Leu
165 170 175

Gly Ala Leu Pro Gly Ala Gly Gly Thr Gln Arg Leu Pro Lys Met Val
180 185 190

Gly Val Pro Ala Ala Leu Asp Met Met Leu Thr Gly Arg Ser Ile Arg
195 200 205

Ala Asp Arg Ala Lys Lys Met Gly Leu Val Asp Gln Leu Val Glu Pro
210 215 220

Leu Gly Pro Gly Leu Lys Pro Pro Glu Glu Arg Thr Ile Glu Tyr Leu
225 230 235 240

Glu Glu Val Ala Ile Thr Phe Ala Lys Gly Leu Ala Asp Lys Lys Ile
245 250 255

Ser Pro Lys Arg Asp Lys Gly Leu Val Glu Lys Leu Thr Ala Tyr Ala
260 265 270

Met Thr Ile Pro Phe Val Arg Gln Gln Val Tyr Lys Lys Val Glu Glu
275 280 285

Lys Val Arg Lys Gln Thr Lys Gly Leu Tyr Pro Ala Pro Leu Lys Ile
290 295 300

Ile Asp Val Val Lys Thr Gly Ile Glu Gln Gly Ser Asp Ala Gly Tyr
305 310 315 320

Leu Cys Glu Ser Gln Lys Phe Gly Glu Leu Val Met Thr Lys Glu Ser
325 330 335

Lys Ala Leu Met Gly Leu Tyr His Gly Gln Val Leu Cys Lys Lys Asn
340 345 350

Lys Phe Gly Ala Pro Gln Lys Asp Val Lys His Leu Ala Ile Leu Gly
355 360 365

Ala Gly Leu Met Gly Ala Gly Ile Ala Gln Val Ser Val Asp Lys Gly
370 375 380

Leu Lys Thr Ile Leu Lys Asp Ala Thr Leu Thr Ala Leu Asp Arg Gly
385 390 395 400

Gln Gln Gln Val Phe Lys Gly Leu Asn Asp Lys Val Lys Lys Ala
405 410 415

Leu Thr Ser Phe Glu Arg Asp Ser Ile Phe Ser Asn Leu Thr Gly Gln
420 425 430

Leu Asp Tyr Gln Gly Phe Glu Lys Ala Asp Met Val Ile Glu Ala Val
435 440 445

Phe Glu Asp Leu Ser Leu Lys His Arg Val Leu Lys Glu Val Glu Ala
450 455 460

Val Ile Pro Asp His Cys Ile Phe Ala Ser Asn Thr Ser Ala Leu Pro
465 470 475 480

Ile Ser Glu Ile Ala Ala Val Ser Lys Arg Pro Glu Lys Val Ile Gly
485 490 495

Met His Tyr Phe Ser Pro Val Asp Lys Met Gln Leu Leu Glu Ile Ile
500 505 510

Thr Thr Glu Lys Thr Ser Lys Asp Thr Ser Ala Ser Ala Val Ala Val

515

520

525

Gly Leu Lys Gln Gly Lys Val Ile Ile Val Val Lys Asp Gly Pro Gly
530 535 540

Phe Tyr Thr Thr Arg Cys Leu Ala Pro Met Met Ser Glu Val Ile Arg
545 550 555 560

Ile Leu Gln Glu Gly Val Asp Pro Lys Lys Leu Asp Ser Leu Thr Thr
565 570 575

Ser Phe Gly Phe Pro Val Gly Ala Ala Thr Leu Val Asp Glu Val Gly
580 585 590

Val Asp Val Ala Lys His Val Ala Glu Asp Leu Gly Lys Val Phe Gly
595 600 605

Glu Arg Phe Gly Gly Asn Pro Glu Leu Leu Thr Gln Met Val Ser
610 615 620

Lys Gly Phe Leu Gly Arg Lys Ser Gly Lys Gly Phe Tyr Ile Tyr Gln
625 630 635 640

Glu Gly Val Lys Arg Lys Asp Leu Asn Ser Asp Met Asp Ser Ile Leu
645 650 655

Ala Ser Leu Lys Leu Pro Pro Lys Ser Glu Val Ser Ser Asp Glu Asp
660 665 670

Ile Gln Phe Arg Leu Val Thr Arg Phe Val Asn Glu Ala Val Met Cys
675 680 685

Leu Gln Glu Gly Ile Leu Ala Thr Pro Ala Glu Gly Asp Ile Gly Ala
690 695 700

Val Phe Gly Leu Gly Phe Pro Pro Cys Leu Gly Gly Pro Phe Arg Phe
705 710 715 720

Val Asp Leu Tyr Gly Ala Gln Lys Ile Val Asp Arg Leu Lys Lys Tyr
725 730 735

Glu Ala Ala Tyr Gly Lys Gln Phe Thr Pro Cys Gln Leu Leu Ala Asp
740 745 750

His Ala Asn Ser Pro Asn Lys Lys Phe Tyr Gln
755 760

<210> 37

<211> 2438

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (45)..(1571)

<223>

<400> 37

ccccggcggcg ccaaccgaag cgcccccgcct gatccgtgtc cgac atg ctg cgc cgc 56
Met Leu Arg Arg
1

gct ctg ctg tgc ctg gcc gtg gcc ctg gtg cgc gcc gac gcc ccc 104
Ala Leu Leu Cys Leu Ala Val Ala Leu Val Arg Ala Asp Ala Pro
5 10 15 20

gag gag gag gac cac gtc ctg gtg ctg cgg aaa agc aac ttc gcg gag 152
Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser Asn Phe Ala Glu
25 30 35

gcg ctg gcg gcc cac aag tac ctg ctg gtg gag ttc tat gcc cct tgg 200
Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp
40 45 50

tgt ggc cac tgc aag gct ctg gcc cct gag tat gcc aaa gcc gct ggg 248
Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys Ala Ala Gly
55 60 65

aag ctg aag gca gaa ggt tcc gag atc agg ttg gcc aag gtg gac gcc 296
Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys Val Asp Ala
70 75 80

acg gag gag tct gac ctg gcc cag cag tac ggc gtc cgc ggc tat ccc 344
Thr Glu Glu Ser Asp Leu Ala Gln Gln Tyr Gly Val Arg Gly Tyr Pro

acc atc aag ttc ttc agg aat gga gac acg gct tcc ccc aag gaa tat			392
Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro Lys Glu Tyr			
105	110	115	
aca gct ggc aga gag gct gat gac atc gtg aac tgg ctg aag aag cgc			440
Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu Lys Lys Arg			
120	125	130	
acg ggc ccg gct gcc acc acc ctg cct gac ggc gca gct gca gag tcc			488
Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala Ala Glu Ser			
135	140	145	
ttt gtg gag tcc agc gag gtg gct gtc atc ggc ttc ttc aag gac gtg			536
Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe Lys Asp Val			
150	155	160	
gag tcg gac tct gcc aag cag ttt ttg cag gca gca gag gcc atc gat			584
Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gln Phe Leu Gln Ala Ala Glu Ala Ile Asp			
165	170	175	180
gac ata cca ttt ggg atc act tcc aac agt gac gtg ttc tcc aaa tac			632
Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe Ser Lys Tyr			
185	190	195	
cag ctc gac aaa gat ggg gtt gtc ctc ttt aag aag ttt gat gaa ggc			680
Gln Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys Phe Asp Glu Gly			
200	205	210	
cgg aac aac ttt gaa ggg gag gtc acc aag gag aac ctg ctg gac ttt			728
Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn Leu Leu Asp Phe			
215	220	225	
atc aaa cac aac cag ctg ccc ctt gtc atc gag ttc acc gag cag aca			776
Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr Glu Gln Thr			
230	235	240	
gcc ccg aag att ttt gga ggt gaa atc aag act cac atc ctg ctg ttc			824
Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His Ile Leu Leu Phe			
245	250	255	260
ttt ccc aag agt gtg tct gac tat gac ggc aaa ctg agc aac ttc aaa			872
Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu Ser Asn Phe Lys			
265	270	275	
aca gca gcc gag agc ttc aag ggc aag atc ctg ttc atc ttc atc gac			920
Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile Phe Ile Asp			
280	285	290	

agc gac cac acc gac aac cag cgc atc ctc gag ttc ttt ggc ctg aag	968
Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Glu Phe Phe Gly Leu Lys	
295 300 305	
aag gaa gag tgc ccg gcc gtg cgc ctc atc acc ctg gag gag gag atg	1016
Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu Glu Glu Glu Met	
310 315 320	
acc aag tac aag ccc gaa tcg gag gag ctg acg gca gag agg atc aca	1064
Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala Glu Arg Ile Thr	
325 330 335 340	
gag ttc tgc cac cgc ttc ctg gag gcc aaa atc aag ccc cac ctg atg	1112
Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys Pro His Leu Met	
345 350 355	
agc cag gag ctg ccg gag gac tgg gac aag cag cct gtc aag gtg ctt	1160
Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Gln Pro Val Lys Val Leu	
360 365 370	
gtt ggg aag aac ttt gaa gac gtg gct ttt gat gag aaa aaa aac gtc	1208
Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu Lys Lys Asn Val	
375 380 385	
ttt gtg gag ttc tat gcc cca tgg tgt ggt cac tgc aaa cag ttg gct	1256
Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Gln Leu Ala	
390 395 400	
ccc att tgg gat aaa ctg gga gag acg tac aag gac cat gag aac atc	1304
Pro Ile Trp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys Asp His Glu Asn Ile	
405 410 415 420	
gtc atc gcc aag atg gac tcg act gcc aac gag gtg gag gcc gtc aaa	1352
Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val Glu Ala Val Lys	
425 430 435	
gtg cac agc ttc ccc aca ctc aag ttc ttt cct gcc agt gcc gac agg	1400
Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala Ser Ala Asp Arg	
440 445 450	
acg gtc att gat tac aac ggg gaa cgc acg ctg gat ggt ttt aag aaa	1448
Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp Gly Phe Lys Lys	
455 460 465	
tcc ctg gag agc ggt ggc cag gat ggg gca ggg gat gat gac gat ctc	1496
Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly Asp Asp Asp Asp Leu	
470 475 480	
gag gac ctg gaa gaa gca gag gag cca gac atg gag gaa gac gat gat	1544
Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu Glu Asp Asp Asp	

485

490

495

500

cag aaa gct gtg aaa gat gaa ctg taa tacgcaaagc cagacccggg 1591
 Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu
 505

cgctgcccag acccctcgag ggctgcacac ccagcagcag cgcacgcctc cgaaggctgc 1651
 ggcctcgctt gaaggaggc gtcgcccggaa acccaggaa cctctctgaa gtgacacctc 1711
 acccctacac acgtccgtt caccccggtc tcttccttct gctttcggt ttttggaaag 1771
 ggatccatct ccagggagcc caccctggtg gggcttgtt cctgaaacca tgatgtactt 1831
 tttcatacat gagtctgtcc agagtcttg ctaccgtt cggagtctcg ctgcctccct 1891
 cccgcggag gtttctccctc tttttaaaaa ttccgtctgt gggattttta gacattttc 1951
 gacatcaggg tatttgttcc accttggcca ggcctccctcg gagaagcttg tccccgtgt 2011
 gggagggacg gagccggact ggacatggtc actcagtacc gcctgcagtg tcgccatgac 2071
 tgatcatggc tcttgcattt ttgggtaaat ggagacttcc ggatcctgtc agggtgtccc 2131
 ccatgcctgg aagaggagct ggtggctgcc agccctgggg cccggcacag gcctgggcct 2191
 tccccttccc tcaagccagg gctccctccctc ctgtcggtgg ctcattgtga ccactggcct 2251
 ctctacagca cggcctgtgg cctgttcaag gcagaaccac gacccttgcac tccccgggtgg 2311
 ggaggtggcc aaggatgctg gagctgaatc agacgctgac agttctttag gcatttctat 2371
 ttcaacaatcg aattgaacac attggccaaa taaagttgaa attttaccac caaaaaaaaaa 2431
 aaaaaaaaaa 2438

<210> 38

<211> 508

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 38

Met	Leu	Arg	Arg	Ala	Leu	Leu	Cys	Leu	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Arg
1				5				10					15		

Ala	Asp	Ala	Pro	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Val	Leu	Val	Leu	Arg	Lys	Ser
								25					30		

Asn Phe Ala Glu Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe
35 40 45

Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala
50 55 60

Lys Ala Ala Gly Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala
65 70 75 80

Lys Val Asp Ala Thr Glu Glu Ser Asp Leu Ala Gln Gln Tyr Gly Val
85 90 95

Arg Gly Tyr Pro Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser
100 105 110

Pro Lys Glu Tyr Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp
115 120 125

Leu Lys Lys Arg Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala
130 135 140

Ala Ala Glu Ser Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe
145 150 155 160

Phe Lys Asp Val Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gln Phe Leu Gln Ala Ala
165 170 175

Glu Ala Ile Asp Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val
180 185 190

Phe Ser Lys Tyr Gln Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys
195 200 205

Phe Asp Glu Gly Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn
210 215 220

Leu Leu Asp Phe Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe
225 230 235 240

Thr Glu Gln Thr Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His
245 250 255

Ile Leu Leu Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu
260 265 270

Ser Asn Phe Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe
275 280 285

Ile Phe Ile Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Glu Phe
290 295 300

Phe Gly Leu Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu
305 310 315 320

Glu Glu Glu Met Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala
325 330 335

Glu Arg Ile Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys
340 345 350

Pro His Leu Met Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Gln Pro
355 360 365

Val Lys Val Leu Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu
370 375 380

Lys Lys Asn Val Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys
385 390 395 400

Lys Gln Leu Ala Pro Ile Trp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys Asp
405 410 415

His Glu Asn Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val
420 425 430

Glu Ala Val Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala
435 440 445

Ser Ala Asp Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp
450 455 460

Gly Phe Lys Lys Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly Asp
465 470 475 480

Asp Asp Asp Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu
485 490 495

Glu Asp Asp Asp Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu
500 505

<210> 39

<211> 959

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (120)..(764)

<223>

<400> 39

gcagtgagg cggcccaggc ccgccttccg cagggtgtcg ccgctgtgcc gctagcggtg 60

ccccgcctgc tgcggtgtggca ccagccagga ggccggagttgg aagtggccgt gggggcggtt 119

atg gga cta gct ggc gtg tgc gcc ctg aga cgc tca gcg ggc tat ata 167

Met Gly Leu Ala Gly Val Cys Ala Leu Arg Arg Ser Ala Gly Tyr Ile

1 5 10 15

ctc gtc ggt ggg gcc ggc ggt cag tct gcg gca gcg gca gca aga cgg 215

Leu Val Gly Gly Ala Gly Gly Gln Ser Ala Ala Ala Ala Arg Arg

20 25 30

tgc agt gaa gga gag tgg gcg tct ggc ggg gtc cgc agt ttc agc aga 263

Cys Ser Glu Gly Glu Trp Ala Ser Gly Gly Val Arg Ser Phe Ser Arg

35 40 45

gcc gct gca gcc atg gcc cca atc aag gtg gga gat gcc atc cca gca 311

Ala Ala Ala Ala Met Ala Pro Ile Lys Val Gly Asp Ala Ile Pro Ala
50 55 60

gag gag gtt ttt gaa ggg gag cca ggg aac aag gtg aac ctg gca gag 359
Val Glu Val Phe Glu Gly Glu Pro Gly Asn Lys Val Asn Leu Ala Glu
65 70 75 80

cgt ttc aag ggc aag aag ggt gtg ctg ttt gga gtt cct ggg gcc ttc 407
Leu Phe Lys Gly Lys Gly Val Leu Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe
85 90 95

acc cct gga tgt tcc aag aca cac ctg cca ggg ttt gtg gag cag gct 455
Thr Pro Gly Cys Ser Lys Thr His Leu Pro Gly Phe Val Glu Gln Ala
100 105 110

gag gct ctg aag gcc aag gga gtc cag gtg gtc gcc tgt ctg agt gtt 503
Glu Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Gln Val Val Ala Cys Leu Ser Val
115 120 125

aat gat gcc ttt gtg act ggc gag tgg ggc cga gcc cac aag gcg gaa 551
Asn Asp Ala Phe Val Thr Gly Glu Trp Gly Arg Ala His Lys Ala Glu
130 135 140

ggc aag gtt cgg ctc ctg gct gat ccc act ggg gcc ttt ggg aag gag 599
Gly Lys Val Arg Leu Leu Ala Asp Pro Thr Gly Ala Phe Gly Lys Glu
145 150 155 160

aca gac tta tta cta gat gat tcg ctg gtg tcc atc ttt ggg aat cga 647
Thr Asp Leu Leu Asp Asp Ser Leu Val Ser Ile Phe Gly Asn Arg
165 170 175

cgt ctc aag agg ttc tcc atg gta cag gat ggc ata gtg aag gcc 695
Arg Leu Lys Arg Phe Ser Met Val Val Gln Asp Gly Ile Val Lys Ala
180 185 190

ctg aat gtg gaa cca gat ggc aca ggc ctc acc tgc agc ctg gca ccc 743
Leu Asn Val Glu Pro Asp Gly Thr Gly Leu Thr Cys Ser Leu Ala Pro
195 200 205

aat atc atc tca cag ctc tga ggccctggcc cagattactt cctccacccc 794
Asn Ile Ile Ser Gln Leu
210

tccatatctc acctgcccag ccctgtgctg gggccctgca attggatgt tggccagatt 854

tctgcaataa acacttgtgg tttgcggcca aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa 914

aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaa 959

<210> 40
<211> 214
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 40

Met Gly Leu Ala Gly Val Cys Ala Leu Arg Arg Ser Ala Gly Tyr Ile
1 5 10 15

Leu Val Gly Gly Ala Gly Gly Gln Ser Ala Ala Ala Ala Ala Arg Arg
20 25 30

Cys Ser Glu Gly Glu Trp Ala Ser Gly Gly Val Arg Ser Phe Ser Arg
35 40 45

Ala Ala Ala Ala Met Ala Pro Ile Lys Val Gly Asp Ala Ile Pro Ala
50 55 60

Val Glu Val Phe Glu Gly Glu Pro Gly Asn Lys Val Asn Leu Ala Glu
65 70 75 80

Leu Phe Lys Gly Lys Lys Gly Val Leu Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe
85 90 95

Thr Pro Gly Cys Ser Lys Thr His Leu Pro Gly Phe Val Glu Gln Ala
100 105 110

Glu Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Gln Val Val Ala Cys Leu Ser Val
115 120 125

Asn Asp Ala Phe Val Thr Gly Glu Trp Gly Arg Ala His Lys Ala Glu
130 135 140

Gly Lys Val Arg Leu Leu Ala Asp Pro Thr Gly Ala Phe Gly Lys Glu
145 150 155 160

Thr Asp Leu Leu Leu Asp Asp Ser Leu Val Ser Ile Phe Gly Asn Arg
165 170 175

Arg Leu Lys Arg Phe Ser Met Val Val Gln Asp Gly Ile Val Lys Ala
180 185 190

Leu Asn Val Glu Pro Asp Gly Thr Gly Leu Thr Cys Ser Leu Ala Pro
195 200 205

Asn Ile Ile Ser Gln Leu
210

<210> 41

<211> 1874

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(678)

<223>

<400> 41

ccgggtg atg gcg gct ggt gat ggg gac gtg aag cta ggc acc ctg ggg 48
Met Ala Ala Gly Asp Gly Asp Val Lys Leu Gly Thr Leu Gly
1 5 10

agt ggc agc gag agc aac gac ggc ggc agc gag agt cca ggc gac 96
Ser Gly Ser Glu Ser Ser Asn Asp Gly Gly Ser Glu Ser Pro Gly Asp
15 20 25 30

g cg g ga g cg g ca g cg g aa g gg g ga g gc t gg g cg g cg g cg t tg g cg 144
Ala Gly Ala Ala Ala Glu Gly Gly Trp Ala Ala Ala Ala Leu Ala
35 40 45

ctt ctg acg ggg ggc ggg gaa atg ctg ctg aac gtg gcg ctg gtg gct 192
Leu Leu Thr Gly Gly Glu Met Leu Leu Asn Val Ala Leu Val Ala
50 55 60

ctg gtg ctg ctg ggg gcc tac cgg ctg tgg gtg cgc tgg ggg cgg cgg 240
Leu Val Leu Leu Gly Ala Tyr Arg Leu Trp Val Arg Trp Gly Arg Arg
65 70 75

ggt ctg ggg gcc ggg gcc ggg gcg ggc gag gag agc ccc gcc acc tct 288
Gly Leu Gly Ala Gly Ala Gly Glu Glu Ser Pro Ala Thr Ser
80 85 90

ctg cct cgc atg aag aag cgg gac ttc agc ttg gag cag ctt cgc cag 336
Leu Pro Arg Met Lys Lys Arg Asp Phe Ser Leu Glu Gln Leu Arg Gln

95

100

105

110

tac gac ggc tcc cgc aac ccg cgc atc ctg ctc gcg gtc aat ggg aaa			384
Tyr Asp Gly Ser Arg Asn Pro Arg Ile Leu Leu Ala Val Asn Gly Lys			
115	120	125	
gtc ttc gac gtg acc aaa ggc agc aag ttc tac ggc ccg gcg ggt cca			432
Val Phe Asp Val Thr Lys Gly Ser Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Pro			
130	135	140	
tat gga ata ttt gct ggt agg gat gcc tcc aga gga ctg gcc aca ttt			480
Tyr Gly Ile Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe			
145	150	155	
tgc cta gat aaa gat gca ctt aga gat gaa tat gat gat ctc tca gat			528
Cys Leu Asp Lys Asp Ala Leu Arg Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp			
160	165	170	
ttg aat gca gta caa atg gag agt gtt cga gaa tgg gaa atg cag ttt			576
Leu Asn Ala Val Gln Met Glu Ser Val Arg Glu Trp Glu Met Gln Phe			
175	180	185	190
aaa gaa aaa tat gat tat gta ggc aga ctc cta aaa cca gga gaa gaa			624
Lys Glu Lys Tyr Asp Tyr Val Gly Arg Leu Leu Lys Pro Gly Glu Glu			
195	200	205	
cca tca gaa tat aca gat gaa gaa gat acc aag gat cac aat aaa cag			672
Pro Ser Glu Tyr Thr Asp Glu Glu Asp Thr Lys Asp His Asn Lys Gln			
210	215	220	
gat tga actttgtaaa caaccaaagt caggggcatt cagaactgca attcttactc			728
Asp			
cctttcacag actgtccgga gtctttgggt ttgattcacc tgctgcgaaa aacattcaac			788
aaatttgtgtcaagataaat taatctcaact atgaagattt gaataactag acattattha			848
tgcgtccaaa ctcatttgtt gcagttgttt gtaatgtcta gtggggcttc atcatcctga			908
aaagaaggag acagggatTT tttaaagag caagaaagtc acaatattac ttctttcctt			968
ccctttttcc ttctttcctt tcttctttct ctttctttct tttaaaata tattgaagac			1028
aaccagatat gtatTTgcta ctcaagtgtc cagatctcct caagaaacat caagggactc			1088
ctgtgtcaca tactgtgttt ttatTTaac atgggtgagg gagggcgacct gatcaggggaa			1148
ggtgtgggtta cacatcaatt tgagttgttc aggctactga aacattaAAA tgtgaattcc			1208

caaacttttc	tttttggctt	tgtcagggaa	aagaaaaata	tctttataaa	gaaatctttg	1268
gaaatttagga	gaaggaattt	caggtgggtt	taagtcagag	ctagttcccc	aacagaaaaga	1328
tcatttgaaa	ccagtttta	tcccttctct	ttccttcctt	ttccctaata	caaataata	1388
ttaattgtgc	cttatttcac	ttaacataga	cttgaattat	ttttagggaa	agcccctata	1448
atgaattcag	aaatcaactac	aagcagcatt	aagactgaag	ttggaatatt	ctgttgacca	1508
taaaaccttg	atatcattct	gtgttatata	aatgtaaaag	gaatattaca	gtgttaactg	1568
ccatatatgt	aatatacaca	aactcaatta	gcattgtat	ggccaaatgc	attccccat	1628
gcctttctgt	tttcaaaaaa	attgaaaaac	aaatcaactc	ttatccccaa	cagctgccta	1688
attttaggag	tctgaccctc	cacatctcac	tggtgtgggt	gcatgggct	gtggagtg	1748
tgtcagtatg	gatgtgtctg	aatgtgtgag	gccttggaa	ggactcttcc	tgcagatact	1808
gtaaatacaa	gtaccat	tttataaagcat	gtacaataaa	ccaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	1868
aaaaaaa						1874

<210> 42
 <211> 223
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 42

Met	Ala	Ala	Gly	Asp	Gly	Asp	Val	Lys	Leu	Gly	Thr	Leu	Gly	Ser	Gly
1								10							15

Ser	Glu	Ser	Ser	Asn	Asp	Gly	Gly	Ser	Glu	Ser	Pro	Gly	Asp	Ala	Gly
								20							30

Ala	Ala	Ala	Glu	Gly	Gly	Trp	Ala	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Leu	Leu
						35					40			45

Thr	Gly	Gly	Gly	Glu	Met	Leu	Leu	Asn	Val	Ala	Leu	Val	Ala	Leu	Val
					50				55						60

Leu	Leu	Gly	Ala	Tyr	Arg	Leu	Trp	Val	Arg	Trp	Gly	Arg	Arg	Gly	Leu
						65			70		75				80

Gly Ala Gly Ala Gly Ala Glu Glu Ser Pro Ala Thr Ser Leu Pro
85 90 95

Arg Met Lys Lys Arg Asp Phe Ser Leu Glu Gln Leu Arg Gln Tyr Asp
100 105 110

Gly Ser Arg Asn Pro Arg Ile Leu Leu Ala Val Asn Gly Lys Val Phe
115 120 125

Asp Val Thr Lys Gly Ser Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Pro Tyr Gly
130 135 140

Ile Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe Cys Leu
145 150 155 160

Asp Lys Asp Ala Leu Arg Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp Leu Asn
165 170 175

Ala Val Gln Met Glu Ser Val Arg Glu Trp Glu Met Gln Phe Lys Glu
180 185 190

Lys Tyr Asp Tyr Val Gly Arg Leu Leu Lys Pro Gly Glu Glu Pro Ser
195 200 205

Glu Tyr Thr Asp Glu Glu Asp Thr Lys Asp His Asn Lys Gln Asp
210 215 220

<210> 43

<211> 3795

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (236)..(1633)

<223>

<400> 43

cagcggcggt ggcccaaggta gaggggtccg cgctggcggc ggccggcgccg ctgttccccg 60

cgcgggtccgc	ggagcggggt	ccgggctgcg	cgacgtgggg	cggcggcggc	actgcggccc	120
cggcccaagc	ccgaccgg	gtccccctcct	cggccgc	ccgcccggcc	gcccgccctc	180
ggccctcccc	ccggccctc	ggtccccctcc	cccgctggcg	gggcccggac	agaag atg	238
					Met	
					l	
gtg cag aag aaa cca gcc gaa ctt cag ggt ttc cac cgt tcg ttc aag						286
Val Gln Lys Lys Pro Ala Glu Leu Gln Gly Phe His Arg Ser Phe Lys						
5	10			15		
ggg cag aac ccc ttc gag ctg gcc ttc tcc cta gac cag ccc gac cac						334
Gly Gln Asn Pro Phe Glu Leu Ala Phe Ser Leu Asp Gln Pro Asp His						
20	25			30		
gga gac tct gac ttt ggc ctg cag tgc tca gcc cgc cct gac atg ccc						382
Gly Asp Ser Asp Phe Gly Leu Gln Cys Ser Ala Arg Pro Asp Met Pro						
35	40			45		
gcc agc cag ccc att gac atc ccg gac gcc aag aag agg ggc aag aag						430
Ala Ser Gln Pro Ile Asp Ile Pro Asp Ala Lys Lys Arg Gly Lys Lys						
50	55			60		65
aag aag cgc ggc cgg gcc acc gac agc ttc tcg ggc agg ttt gaa gac						478
Lys Lys Arg Gly Arg Ala Thr Asp Ser Phe Ser Gly Arg Phe Glu Asp						
70	75			80		
gtc tac cag ctg cag gaa gat gtg ctg ggg gag ggc gct cat gcc cga						526
Val Tyr Gln Leu Gln Glu Asp Val Leu Gly Glu Gly Ala His Ala Arg						
85	90			95		
gtg cag acc tgc atc aac ctg atc acc agc cag gag tac gcc gtc aag						574
Val Gln Thr Cys Ile Asn Leu Ile Thr Ser Gln Glu Tyr Ala Val Lys						
100	105			110		
atc att gag aag cag cca ggc cac att cgg agc agg gtt ttc agg gag						622
Ile Ile Glu Lys Gln Pro Gly His Ile Arg Ser Arg Val Phe Arg Glu						
115	120			125		
gtg gag atg ctg tac cag tgc cag gga cac agg aac gtc cta gag ctg						670
Val Glu Met Leu Tyr Gln Cys Gln Gly His Arg Asn Val Leu Glu Leu						
130	135			140		145
att gag ttc ttc gag gag gac cgc ttc tac ctg gtg ttt gag aag						718
Ile Glu Phe Phe Glu Glu Asp Arg Phe Tyr Leu Val Phe Glu Lys						
150	155			160		
atg cgg gga ggc tcc atc ctg agc cac atc cac aag cgc cgg cac ttc						766

Met Arg Gly Gly Ser Ile Leu Ser His Ile His Lys Arg Arg His Phe
165 170 175

aac gag ctg gag gcc agc gtg gtg cag gac gtg gcc agc gcc ttg 814
Asn Glu Leu Glu Ala Ser Val Val Val Gln Asp Val Ala Ser Ala Leu
180 185 190

gac ttt ctg cat aac aaa ggc atc gcc cac agg gac cta aag ccg gaa 862
Asp Phe Leu His Asn Lys Gly Ile Ala His Arg Asp Leu Lys Pro Glu
195 200 205

aac atc ctc tgt gag cac ccc aac cag gtc tcc ccc gtg aag atc tgt 910
Asn Ile Leu Cys Glu His Pro Asn Gln Val Ser Pro Val Lys Ile Cys
210 215 220 225

gac ttc gac ctg ggc agc ggc atc aaa ctc aac ggg gac tgc tcc cct 958
Asp Phe Asp Leu Gly Ser Gly Ile Lys Leu Asn Gly Asp Cys Ser Pro
230 235 240

atc tcc acc ccg gag ctg ctc act ccg tgc ggc tcg gcg gag tac atg 1006
Ile Ser Thr Pro Glu Leu Leu Thr Pro Cys Gly Ser Ala Glu Tyr Met
245 250 255

gcc ccg gag gta gtg gag gcc ttc agc gag gag gct agc atc tac gac 1054
Ala Pro Glu Val Val Glu Ala Phe Ser Glu Glu Ala Ser Ile Tyr Asp
260 265 270

aag cgc tgc gac ctg tgg agc ctg ggc gtc atc ttg tat atc cta ctc 1102
Lys Arg Cys Asp Leu Trp Ser Leu Gly Val Ile Leu Tyr Ile Leu Leu
275 280 285

agc ggc tac ccg ccc ttc gtg ggc cgc tgt ggc agc gac tgc ggc tgg 1150
Ser Gly Tyr Pro Pro Phe Val Gly Arg Cys Gly Ser Asp Cys Gly Trp
290 295 300 305

gac cgc ggc gag gcc tgc cct gcc tgc cag aac atg ctg ttt gag agc 1198
Asp Arg Gly Glu Ala Cys Pro Ala Cys Gln Asn Met Leu Phe Glu Ser
310 315 320

atc cag gag ggc aag tac gag ttc ccc gac aag gac tgg gcc cac atc 1246
Ile Gln Glu Gly Lys Tyr Glu Phe Pro Asp Lys Asp Trp Ala His Ile
325 330 335

tcc tgc gct gcc aaa gac ctc atc tcc aag ctg ctg gtc cgt gac gcc 1294
Ser Cys Ala Ala Lys Asp Leu Ile Ser Lys Leu Leu Val Arg Asp Ala
340 345 350

aag cag agg ctg agt gcc gcc caa gtc ctg cag cac ccc tgg gtt cag 1342
Lys Gln Arg Leu Ser Ala Ala Gln Val Leu Gln His Pro Trp Val Gln
355 360 365

g g g t g c g c c c g g a a c a c c t t g c c c a c t c c c a t g g t c c t g c a g a g g 1390
G l y C y s A l a P r o G l u A s n T h r L e u P r o T h r P r o M e t V a l L e u G l n A r g
370 375 380 385

a a c a g c t g t g c c a a a g a c c t c a c g t c c t t c g c g g c t g a g g c c a t t g c c 1438
A s n S e r C y s A l a L y s A s p L e u T h r S e r P h e A l a A l a G l u A l a I l e A l a
390 395 400

a t g a a c c g g c a g c t g g c c a g c a c g a c g a g g a c c t g g c t g a g g a g g 1486
M e t A s n A r g G l n L e u A l a G l n H i s A s p G l u A s p L e u A l a G l u G l u G l u
405 410 415

g c c g c g g g g c a g g g c c a g c c c g t c c t g g t c c g a g c t a c c t c a c g c t g c 1534
A l a A l a G l y G l n G l y G l n P r o V a l L e u V a l A r g A l a T h r S e r A r g C y s
420 425 430

c t g c a g c t g t c t c c a c c c t c c a g t c c a a g c t g g c g c a g c g g c g g c a a 1582
L e u G l n L e u S e r P r o P r o S e r G l n S e r L y s L e u A l a G l n A r g A r g G l n
435 440 445

a g g g c c a g t c t g t c c t c g g c c a g t g g c c a g t g t g g a g a c c a c g c c 1630
A r g A l a S e r L e u S e r S e r A l a P r o V a l V a l L e u V a l G l y A s p H i s A l a
450 455 460 465

t g a c c c t c c c a t c t c c c t c t g t a c a t a g g t c a c c c g t c c c c c a a t c a a t c t 1683

a a a g g t t t t t t a a g c t a t c g c c a g c c g g t g t c c a g c g g g c t g c c t g g a t 1743

t c c c a g g c a c t a a g c t c a g c t g a g g g g g t g t t t a t a g a a g g t t t t g c t t t g g g t t t 1803

t t t t t t c c t g t t c c a c c c t c c c g t t a t t t t t c c t t t g g a t g g t t a a a g c a t t g c 1863

a g g c a c c c g g g a a g g t g a g c a g a g g g t a g g t g g g g c t t g t c c c t c c c c c g g t c c c c c 1923

g c c c t g c t c a c c t c a t g a a g g t g c c c c a g g t c a c c t g t g c t g c c c g c a t c t g c c 1983

c a c g t g g c t t g c a g t g a c t c a g g a g a g c a g g c c a c a g c g t t g c c a t c t g c 2043

g g g a g g g g c a c a g g c c t g c c c t c g t g t t c c c t c c c a g c c c g c a g t a t t t c a g g g a c a g 2103

g c t c t t c c c c t c t a t c c c t c a c c c t g a g a g g a g g c c c c t g g t g g t g g g a a g g g a g 2163

g g g c t g c c t g t c t c t g g a g g t g t c a g g t g g c a g g c a g t c a c c c a c c c a c c c 2223

c a t g g g a t c c c c a g c c c t t c a c c c g c g c t g c c t t g t c c c a t g a t a g t t g a c a a t c g g 2283

g g c t t c c t g c a a g g c c c g t c t g t c c a g g c a g t c c t g g t g g c c a g a t t t c g g c c t c c g a 2343

c c t t g a c c t t a a a c t g c a g c t g a c c c a g g g g c t c g c c g c t g c c c t c c c a c a c c a c c a 2403

aggcctgaga cagcaggagc cccgcctggc ccgaagccgt ttccacccga gcagggcagag 2463
gggctggaca ggcactgtca gccaatgtgg ggggtcctga agacaccccc ttggggcacc 2523
cgagtgc(ccc ttctcagggc tcagtcgtac cgtagccacg tcctgcctcg cgccgc(ccc 2583
cgggcctgac ctggaagctc cgtcagctcc gtccttgc(ttt ttagagctga gcccagaccc 2643
cgggtctgg ccgaatcctc acccccagg(cagtgtttt ggctgtccac cttaggaaa 2703
acggctgccc cctcgccctc ccttcggca cccaggaatg cgggggtctg cttagtcccc 2763
ccaccctcca tgctccaacc cccggggct gcggagcctg ctgc(cccctc cccgcgggtg 2823
gggacgttct atgcaataca gggttccact ttagaagtgc gcgcggctag ggtcacccgcc 2883
cgcccttccc ggccgcagccc ccgagctcca cagctggggc agccctctg gcttctaatt 2943
ccgcggtcgg gattttcct cctgttttagt ttttagttt ttcccttaaaa aaaaacaaca 3003
catcgatgga ctttgcttcc ctgttcttga agaatacttg aatgtcgggg ggccctggggg 3063
tgggggcctc ggagaccgtc tgcctggccc tgctgc(ccc cctgaatctc gtatgatgg 3123
cacagtccgg tggccgtggg ggtgctctgc cttccctgg(ccccactgcc catatctgt 3183
gactgccc(tccaaagacc cctggggggg gtggggcatt ccgc(ccc ac(ccc ctttcccc 3243
tcaacttcg cctgtcagtg attccatgtt tcgtaacggg ggattctctg cctttttgt 3303
tcaaagaaca agcaaatgga cccccggccc ctgcaggcgc ccatagccat cgggtctcta 3363
aagctgagtg gctagcagcg tttgtttgtt tgttttttt ttttttctg aaggtggac 3423
agtcaacttcc tcctccctcc ccaccctgt cgcacccacg tgcgacctgg aggactggc 3483
agaaccgtta ctgtgaatga gtgaagatcc tggaggaccc tggccccag gccagctccc 3543
atcgctgggg gacgggtgaac ggccatgtgt taatgttacg atgtttttaa aagacaaaaa 3603
aaaaaaaaaa acctcaaaag tttttttaaa gtggggggaaa aacatccaag cactttaatt 3663
ccaatgtacc aggtgaactg acggagctca gaagtttcc ttacaccaa ctgtcaatgc 3723
cggaaattttg tattctgttt tgtaaagatt taataaaagt caaaaaactt gcaaaaaaaa 3783
aaaaaaaaaa aa 3795

<210> 44
<211> 465
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 44

Met Val Gln Lys Lys Pro Ala Glu Leu Gln Gly Phe His Arg Ser Phe
1 5 10 15

Lys Gly Gln Asn Pro Phe Glu Leu Ala Phe Ser Leu Asp Gln Pro Asp
20 25 30

His Gly Asp Ser Asp Phe Gly Leu Gln Cys Ser Ala Arg Pro Asp Met
35 40 45

Pro Ala Ser Gln Pro Ile Asp Ile Pro Asp Ala Lys Lys Arg Gly Lys
50 55 60

Lys Lys Lys Arg Gly Arg Ala Thr Asp Ser Phe Ser Gly Arg Phe Glu
65 70 75 80

Asp Val Tyr Gln Leu Gln Glu Asp Val Leu Gly Glu Gly Ala His Ala
85 90 95

Arg Val Gln Thr Cys Ile Asn Leu Ile Thr Ser Gln Glu Tyr Ala Val
100 105 110

Lys Ile Ile Glu Lys Gln Pro Gly His Ile Arg Ser Arg Val Phe Arg
115 120 125

Glu Val Glu Met Leu Tyr Gln Cys Gln Gly His Arg Asn Val Leu Glu
130 135 140

Leu Ile Glu Phe Phe Glu Glu Glu Asp Arg Phe Tyr Leu Val Phe Glu
145 150 155 160

Lys Met Arg Gly Gly Ser Ile Leu Ser His Ile His Lys Arg Arg His
165 170 175

Phe Asn Glu Leu Glu Ala Ser Val Val Val Gln Asp Val Ala Ser Ala
180 185 190

Leu Asp Phe Leu His Asn Lys Gly Ile Ala His Arg Asp Leu Lys Pro
195 200 205

Glu Asn Ile Leu Cys Glu His Pro Asn Gln Val Ser Pro Val Lys Ile
210 215 220

Cys Asp Phe Asp Leu Gly Ser Gly Ile Lys Leu Asn Gly Asp Cys Ser
225 230 235 240

Pro Ile Ser Thr Pro Glu Leu Leu Thr Pro Cys Gly Ser Ala Glu Tyr
245 250 255

Met Ala Pro Glu Val Val Glu Ala Phe Ser Glu Glu Ala Ser Ile Tyr
260 265 270

Asp Lys Arg Cys Asp Leu Trp Ser Leu Gly Val Ile Leu Tyr Ile Leu
275 280 285

Leu Ser Gly Tyr Pro Pro Phe Val Gly Arg Cys Gly Ser Asp Cys Gly
290 295 300

Trp Asp Arg Gly Glu Ala Cys Pro Ala Cys Gln Asn Met Leu Phe Glu
305 310 315 320

Ser Ile Gln Glu Gly Lys Tyr Glu Phe Pro Asp Lys Asp Trp Ala His
325 330 335

Ile Ser Cys Ala Ala Lys Asp Leu Ile Ser Lys Leu Leu Val Arg Asp
340 345 350

Ala Lys Gln Arg Leu Ser Ala Ala Gln Val Leu Gln His Pro Trp Val
355 360 365

Gln Gly Cys Ala Pro Glu Asn Thr Leu Pro Thr Pro Met Val Leu Gln

370

375

380

Arg Asn Ser Cys Ala Lys Asp Leu Thr Ser Phe Ala Ala Glu Ala Ile
 385 390 395 400

Ala Met Asn Arg Gln Leu Ala Gln His Asp Glu Asp Leu Ala Glu Glu
 405 410 415

Glu Ala Ala Gly Gln Gly Gln Pro Val Leu Val Arg Ala Thr Ser Arg
 420 425 430

Cys Leu Gln Leu Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Leu Ala Gln Arg Arg
 435 440 445

Gln Arg Ala Ser Leu Ser Ser Ala Pro Val Val Leu Val Gly Asp His
 450 455 460

Ala
 465

<210> 45

<211> 631

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 45

gaggtagaggg ggcgcctctgc cggccggccc ctactggaa gtgaggagcc cctctgcctg 60

gccagccgcc ccgtccggga gggcggtggg ggggtcagcc cccctccgg ccagccggcc 120

catctggagat gtgaggggca cttctgcgg gccgcctcta ctggaaatg aggagcccc 180

ctgccccggcc acgacccgt ctggaggtg tgcccagcgg ctcattggg atggccatg 240

atgacaatgg cggttttgtg gaatagaagag gcggaaagg tggggaaaaa attgagaaat 300

cgatgggttg cgggtctgt gtggatagaa gttagacatgg gagacttttca ttttgttct 360

gtactaagaa aaattcttct gccttggat cctgttgate tgtgacctta tcccaaccc 420

tgtgctct gaaacatgtc ctgtgtccac tcagggttaa atggatataa ggccgtgtcaa 480

gatgtgcttt gttaaacaga tgcttgaagg cagcatgtc gttaagagtc atcaccactc 540

ccttaatctta agtacccagg gacacaaaaca ctgcggagg ccgcagggtc ctctgcctag 600
gaaaaccaga gacctttgtt cacttgttat c 631

<210> 46
<211> 472
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 46
tactgggaag tgaggaaccc ctctgcccgg ccagccgccc cgtcgggag ggaggtaggg 60
ggatcagccc cccgcctggc agccgcggc tccgggaggt gaggggcgcc tctgccccggc 120
cgccccctact gggaaagttag gaggccctct gcccggccag ccgcggcgtc cgggaggag 180
gtgggggggt cagccgcgc ccgtcggga cctagctggg caccgatggg ccggcacggg 240
tacggtgcca ggaagcgtca ggcgagcgaa gtgcgcgtaa cagtgcagc gacgacgaga 300
cgagcaaagg tagtgccgag tgccagtaca tgatgccatc ctcagacgat ggaggcggt 360
gtcgacgacc cgcgcgctgt actgagcaac agggtacact aagaatacaa cagtgggtcg 420
cagtgcctat gagagaataa gtgatgacgc gtgtcgagcg attgtaccca ga 472

<210> 47
<211> 7026
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (420)..(5045)
<223>

<400> 47
gacacgcacg cacccggcg ccgaaggaa agccgcgtct cgccctcccg ccccgccgtc 60
gtcctgtct cagtccctca gcagagcgaa aaagcgagg ccggagccgt gacccctgac 120
cccggtggta tgcgaggccg ccgcattcct tagcgatcgc gggcgagccg ccgcgtgccc 180
cgtggcgac tgacgcagcg cggcgcggtg gagccgcgc cgcggccccc ccacccggc 240
tctcgccca gccgggtcccc gcgtgccccgc cccttctccc cggccgcacc cgagacctcg 300

cgcggccg	ctgccacg	cccccc	cgccgg	gccc	cgcc	360
ccccag	cccag	ccccgg	agg	tccc	tg	419
atg	aag	gac	aaa	cag	aag	467
Met	Lys	Asp	Lys	Gln	Lys	
1	5	10	15			
gcg	cgc	ctg	gt	ta	tt	515
Ala	Arg	Leu	Val	Leu	Glu	
20		25		30		
cag	att	ctg	cag	gtc	ata	563
Gln	Ile	Leu	Gln	Val	Ile	
35		40		45		
ggg	act	tcc	cct	ctc	gca	611
Gly	Thr	Ser	Pro	Leu	Ala	
50		55		60		
aga	gga	gga	gag	ggg	ttg	659
Arg	Gly	Gly	Glu	Gly	Leu	
65		70		75		80
tcc	acg	ctc	aag	aag	gat	707
Phe	Thr	Leu	Lys	Lys	Asp	
85		90		95		
gtg	gag	gga	gag	gag	cca	755
Val	Glu	Gly	Glu	Pro	Glu	
100		105		110		
tct	aat	gaa	gcc	agc	act	803
Ser	Asn	Glu	Ala	Ser	Thr	
115		120		125		
gaa	aca	tct	tcg	aac	gca	851
Glu	Thr	Ser	Ser	Asn	Ala	
130		135		140		
ctt	tcc	aat	ccc	agg	gac	899
Leu	Ser	Asn	Pro	Arg	Asp	
145		150		155		160
caa	aag	aaa	aag	act	ggg	947
Gln	Lys	Lys	Lys	Thr	Gly	
165		170		175		
ctg	aag	gta	aac	ggg	gcc	995
Leu	Lys	Val	Asn	Gly	Ala	

180

185

190

tgc	cac	gcc	gat	ggc	gag	agc	ggc	agc	ccg	tcc	agc	agc	agc	ggc	1043	
Cys	His	Ala	Asp	Gly	Glu	Ser	Gly	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly		
195				200						205						
tct	ctg	gcc	ctg	ggc	agc	gct	gct	att	cgt	ggc	cag	gcc	gag	gtc	acc	1091
Ser	Leu	Ala	Leu	Gly	Ser	Ala	Ala	Ile	Arg	Gly	Gln	Ala	Glu	Val	Thr	
210				215						220						
cag	gac	cct	gcc	ccg	ctc	ctg	aga	ggc	ttc	cgg	aag	cca	gcc	aca	ggt	1139
Gln	Asp	Pro	Ala	Pro	Leu	Leu	Arg	Gly	Phe	Arg	Lys	Pro	Ala	Thr	Gly	
225				230					235			240				
caa	atg	aag	cgc	aac	aga	ggg	gaa	gaa	ata	gat	ttt	gag	aca	cct	ggg	1187
Gln	Met	Lys	Arg	Asn	Arg	Gly	Glu	Glu	Ile	Asp	Phe	Glu	Thr	Pro	Gly	
245					250					255						
tcc	att	ctt	gtc	aac	acc	aac	ctc	cgt	gcc	ctg	atc	aac	tct	cgg	acc	1235
Ser	Ile	Leu	Val	Asn	Thr	Asn	Leu	Arg	Ala	Leu	Ile	Asn	Ser	Arg	Thr	
260					265						270					
ttc	cat	gcc	tta	cca	tca	cac	ttc	cag	cag	cag	ctc	ctc	ttc	ctc	ctg	1283
Phe	His	Ala	Leu	Pro	Ser	His	Phe	Gln	Gln	Gln	Leu	Leu	Phe	Leu	Leu	
275					280					285						
cct	gaa	gta	gac	aga	cag	gtg	ggg	acg	gat	ggc	ctg	ttg	cgt	ctc	agc	1331
Pro	Glu	Val	Asp	Arg	Gln	Val	Gly	Thr	Asp	Gly	Leu	Leu	Arg	Leu	Ser	
290				295						300						
agc	agt	gca	cta	aat	aac	gag	ttt	ttt	acc	cat	gcg	gct	cag	agc	tgg	1379
Ser	Ser	Ala	Leu	Asn	Asn	Glu	Phe	Phe	Thr	His	Ala	Ala	Gln	Ser	Trp	
305				310					315			320				
cgg	gag	cgc	ctg	gct	gat	ggt	gaa	ttt	act	cat	gag	atg	caa	gtc	agg	1427
Arg	Glu	Arg	Leu	Ala	Asp	Gly	Glu	Phe	Thr	His	Glu	Met	Gln	Val	Arg	
325						330						335				
ata	cga	cag	gaa	atg	gag	aag	gaa	aag	aag	gtg	gaa	caa	tgg	aaa	gaa	1475
Ile	Arg	Gln	Glu	Met	Glu	Lys	Glu	Lys	Lys	Val	Glu	Gln	Trp	Lys	Glu	
340					345						350					
aag	ttc	ttt	gaa	gac	tac	tat	gga	cag	aag	ctg	ggt	ttg	acc	aaa	gaa	1523
Lys	Phe	Phe	Glu	Asp	Tyr	Tyr	Gly	Gln	Lys	Leu	Gly	Leu	Thr	Lys	Glu	
355					360						365					
gag	tca	ttg	cag	cag	aac	gtg	ggc	cag	gag	gag	gct	gaa	atc	aaa	agt	1571
Glu	Ser	Leu	Gln	Gln	Asn	Val	Gly	Gln	Glu	Glu	Ala	Glu	Ile	Lys	Ser	
370					375					380						

ggc ttg tgt gtc cca gga gaa tca gtg cgt ata cag cgt ggt cca gcc	1619
Gly Leu Cys Val Pro Gly Glu Ser Val Arg Ile Gln Arg Gly Pro Ala	
385 390 395 400	
acc cga cag cga gat ggg cat ttt aag aaa cgc tct cgg cca gat ctc	1667
Thr Arg Gln Arg Asp Gly His Phe Lys Lys Arg Ser Arg Pro Asp Leu	
405 410 415	
cga acc aga gcc aga agg aat ctg tac aaa aaa cag gag tca gaa caa	1715
Arg Thr Arg Ala Arg Asn Leu Tyr Lys Lys Gln Glu Ser Glu Gln	
420 425 430	
gca ggg gtt gct aag gat gca aaa tct gtg gcc tca gat gtt ccc ctc	1763
Ala Gly Val Ala Lys Asp Ala Lys Ser Val Ala Ser Asp Val Pro Leu	
435 440 445	
tac aag gat ggg gag gct aag act gac cca gca ggg ctg agc agt ccc	1811
Tyr Lys Asp Gly Glu Ala Lys Thr Asp Pro Ala Gly Leu Ser Ser Pro	
450 455 460	
cat ctg cca ggc aca tcc tct gca gca ccc gac ctg gag ggt ccc gaa	1859
His Leu Pro Gly Thr Ser Ser Ala Ala Pro Asp Leu Glu Gly Pro Glu	
465 470 475 480	
ttc cca gtt gag tct gtg gct tct cgg atc cag gct gag cca gac aac	1907
Phe Pro Val Glu Ser Val Ala Ser Arg Ile Gln Ala Glu Pro Asp Asn	
485 490 495	
ttg gca cgt gcc tct gca tct cca gac aga att cct agc ctg cct cag	1955
Leu Ala Arg Ala Ser Ala Ser Pro Asp Arg Ile Pro Ser Leu Pro Gln	
500 505 510	
gaa act gtg gat cag gaa ccc aag gat cag aag agg aaa tcc ttt gag	2003
Glu Thr Val Asp Gln Glu Pro Lys Asp Gln Lys Arg Lys Ser Phe Glu	
515 520 525	
cag gcg gcc tct gca tcc ttt ccc gaa aag aag ccc cgg ctt gaa gat	2051
Gln Ala Ala Ser Ala Ser Phe Pro Glu Lys Lys Pro Arg Leu Glu Asp	
530 535 540	
cgt cag tcc ttt cgt aac aca att gaa agt gtt cac acc gaa aag cca	2099
Arg Gln Ser Phe Arg Asn Thr Ile Glu Ser Val His Thr Glu Lys Pro	
545 550 555 560	
cag ccc act aaa gag gag ccc aaa gtc ccg ccc atc cgg att caa ctt	2147
Gln Pro Thr Lys Glu Glu Pro Lys Val Pro Pro Ile Arg Ile Gln Leu	
565 570 575	
tca cgt atc aaa cca ccc tgg gtg gtt aaa ggt cag ccc act tac cag	2195
Ser Arg Ile Lys Pro Pro Trp Val Val Lys Gly Gln Pro Thr Tyr Gln	

580

585

590

ata tgc ccc cgg atc atc ccc acc acg gag tcc tcc tgc cgg ggt tgg		2243	
Ile Cys Pro Arg Ile Ile Pro Thr Thr Glu Ser Ser Cys Arg Gly Trp			
595	600	605	
act ggc gcc agg acc ctc gca gac att aaa gcc cgt gct ctg cag gtc		2291	
Thr Gly Ala Arg Thr Leu Ala Asp Ile Lys Ala Arg Ala Leu Gln Val			
610	615	620	
cga ggg gcg aga ggt cac cac tgc cat aga gag gcg gcc acc act gcc		2339	
Arg Gly Ala Arg Gly His His Cys His Arg Glu Ala Ala Thr Thr Ala			
625	630	635	640
atc gga ggg ggg ggt ggc ccg ggt gga ggt ggc ggc ggg gcc acc gat		2387	
Ile Gly Gly Gly Gly Pro Gly Gly Gly Gly Ala Thr Asp			
645	650	655	
gag gga ggt ggc aga ggc agc agc agt ggt gat ggt ggt gag gcc tgt		2435	
Glu Gly Gly Arg Gly Ser Ser Ser Gly Asp Gly Gly Glu Ala Cys			
660	665	670	
ggc cac cct gag ccc agg gga ggc ccg agc acc cct gga aag tgt acg		2483	
Gly His Pro Glu Pro Arg Gly Gly Pro Ser Thr Pro Gly Lys Cys Thr			
675	680	685	
tca gat cta cag cga aca caa cta ctg ccg cct tat cct cta aat ggg		2531	
Ser Asp Leu Gln Arg Thr Gln Leu Leu Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly			
690	695	700	
gag cat acc cag gcc gga act gcc atg tcc aga gct agg aga gag gac		2579	
Glu His Thr Gln Ala Gly Thr Ala Met Ser Arg Ala Arg Arg Glu Asp			
705	710	715	720
ctg cct tct ctg aga aag gag gaa agc tgc cta cta cag agg gct aca		2627	
Leu Pro Ser Leu Arg Lys Glu Glu Ser Cys Leu Leu Gln Arg Ala Thr			
725	730	735	
gtt gga ctc aca gat ggg cta gga gat gcc tcc caa ctc ccc gtt gct		2675	
Val Gly Leu Thr Asp Gly Leu Gly Asp Ala Ser Gln Leu Pro Val Ala			
740	745	750	
ccc act ggg gac cag cca tgc cag gcc ttg ccc cta ctg tcc tcc caa		2723	
Pro Thr Gly Asp Gln Pro Cys Gln Ala Leu Pro Leu Leu Ser Ser Gln			
755	760	765	
acc tca gta gct gag aga tta gtg gag cag cct cag ttg cat ccg gat		2771	
Thr Ser Val Ala Glu Arg Leu Val Glu Gln Pro Gln Leu His Pro Asp			
770	775	780	

gtt	aga	act	gaa	tgt	gag	tct	ggc	acc	act	tcc	tgg	gaa	agt	gat	gat	2819		
Val	Arg	Thr	Glu	Cys	Glu	Ser	Gly	Thr	Thr	Ser	Trp	Glu	Ser	Asp	Asp			
785					790					795					800			
gag	gag	caa	gga	ccc	acc	gtt	cct	gca	gac	aat	ggt	ccc	att	ccg	tct	2867		
Glu	Glu	Gln	Gly	Pro	Thr	Val	Pro	Ala	Asp	Asn	Gly	Pro	Ile	Pro	Ser			
					805					810					815			
cta	gtg	gga	gat	gat	aca	tta	gag	aaa	gga	act	ggc	caa	gct	ctt	gac	2915		
Leu	Val	Gly	Asp	Asp	Thr	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Gly	Gln	Ala	Leu	Asp			
					820					825					830			
agt	cat	ccc	act	atg	aag	gat	cct	gta	aat	gtg	acc	ccc	agt	tcc	aca	2963		
Ser	His	Pro	Thr	Met	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Val	Thr	Pro	Ser	Ser	Thr			
					835					840					845			
cct	gaa	tcc	tca	ccg	act	gat	tgc	ctg	cag	aac	aga	gca	ttt	gat	gac	3011		
Pro	Glu	Ser	Ser	Pro	Thr	Asp	Cys	Leu	Gln	Asn	Arg	Ala	Phe	Asp	Asp			
					850					855					860			
gaa	tta	ggg	ctt	ggt	ggc	tca	tgc	cct	cct	atg	agg	gaa	agt	gat	act	3059		
Glu	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Ser	Cys	Pro	Pro	Met	Arg	Glu	Ser	Asp	Thr			
					865					870					875		880	
aga	caa	gaa	aac	ttg	aaa	acc	aag	gct	ctc	gtt	tct	aac	agt	tct	ttg	3107		
Arg	Gln	Glu	Asn	Leu	Lys	Thr	Lys	Ala	Leu	Val	Ser	Asn	Ser	Ser	Leu			
					885					890					895			
cat	tgg	ata	ccc	atc	cca	tcg	aat	gat	gag	gta	gtg	aaa	cag	ccc	aaa	3155		
His	Trp	Ile	Pro	Ile	Pro	Ser	Asn	Asp	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Pro	Lys			
					900					905					910			
cca	gaa	tcc	aga	gaa	cac	ata	cca	tct	gtt	gag	ccc	cag	gtt	gga	gag	3203		
Pro	Glu	Ser	Arg	Glu	His	Ile	Pro	Ser	Val	Glu	Pro	Gln	Val	Gly	Glu			
					915					920					925			
gag	tgg	gag	aaa	gct	gct	ccc	acc	cct	cct	gca	ttg	cct	ggg	gat	ttg	3251		
Glu	Trp	Glu	Lys	Ala	Ala	Pro	Thr	Pro	Pro	Ala	Leu	Pro	Gly	Asp	Leu			
					930					935					940			
aca	gct	gag	gag	ggt	cta	gat	cct	ctt	gac	agc	ctt	act	tca	ctc	tgg	3299		
Thr	Ala	Glu	Glu	Gly	Leu	Asp	Pro	Leu	Asp	Ser	Leu	Thr	Ser	Leu	Trp			
					945					950					955		960	
act	gtg	cca	tct	cga	gga	ggc	agt	gac	agc	aat	ggc	agt	tac	tgt	caa	3347		
Thr	Val	Pro	Ser	Arg	Gly	Gly	Ser	Asp	Ser	Asn	Gly	Ser	Tyr	Cys	Gln			
					965					970					975			
cag	gtg	gac	att	gaa	aag	ctg	aaa	atc	aac	gga	gac	tct	gaa	gca	ctg	3395		
Gln	Val	Asp	Ile	Glu	Lys	Leu	Lys	Ile	Asn	Gly	Asp	Ser	Glu	Ala	Leu			

980

985

9 9 0

agt	cct	cac	ggt	gag	tcc	acg	gat	aca	gcc	tct	gac	ttt	gaa	ggt	cac	3443
Ser	Pro	His	Gly	Glu	Ser	Thr	Asp	Thr	Ala	Ser	Asp	Phe	Glu	Gly	His	
995						1000							1005			
ctc	acg	gag	gac	agc	agt	gag	gct	gac	act	aga	gaa	gct	gca	gtg	3488	
Leu	Thr	Glu	Asp	Ser	Ser	Glu	Ala	Asp	Thr	Arg	Glu	Ala	Ala	Val		
1010						1015						1020				
aca	aag	gga	tct	tcg	gtg	gac	aag	gat	gag	aaa	ccc	aat	tgg	aac	3533	
Thr	Lys	Gly	Ser	Ser	Val	Asp	Lys	Asp	Glu	Lys	Pro	Asn	Trp	Asn		
1025						1030					1035					
caa	tct	gcc	cca	ctg	tcc	aag	gtg	aat	ggt	gac	atg	cgt	ctg	gtt	3578	
Gln	Ser	Ala	Pro	Leu	Ser	Lys	Val	Asn	Gly	Asp	Met	Arg	Leu	Val		
1040						1045					1050					
aca	agg	aca	gat	ggg	atg	gtt	gct	cct	cag	agc	tgg	gtg	tct	cga	3623	
Thr	Arg	Thr	Asp	Gly	Met	Val	Ala	Pro	Gln	Ser	Trp	Val	Ser	Arg		
1055						1060					1065					
gta	tgt	gcg	gtc	cgc	caa	aag	atc	cca	gat	tcc	cta	ctg	ctg	gcc	3668	
Val	Cys	Ala	Val	Arg	Gln	Lys	Ile	Pro	Asp	Ser	Leu	Leu	Leu	Ala		
1070						1075					1080					
agt	act	gag	tac	cag	cca	aga	gcc	gtg	tgc	ctg	tcc	atg	cct	ggg	3713	
Ser	Thr	Glu	Tyr	Gln	Pro	Arg	Ala	Val	Cys	Leu	Ser	Met	Pro	Gly		
1085						1090					1095					
tcc	tca	gtg	gag	gcc	act	aac	cca	ctt	gtg	atg	cag	ttg	ctg	cag	3758	
Ser	Ser	Val	Glu	Ala	Thr	Asn	Pro	Leu	Val	Met	Gln	Leu	Leu	Gln		
1100						1105					1110					
ggt	agc	ttg	ccc	cta	gag	aag	gtt	ctt	cca	cca	gcc	cac	gat	gac	3803	
Gly	Ser	Leu	Pro	Leu	Glu	Lys	Val	Leu	Pro	Pro	Ala	His	Asp	Asp		
1115						1120					1125					
agc	atg	tca	gaa	tcc	cca	caa	gta	cca	ctt	aca	aaa	gac	cag	agc	3848	
Ser	Met	Ser	Glu	Ser	Pro	Gln	Val	Pro	Leu	Thr	Lys	Asp	Gln	Ser		
1130						1135					1140					
cat	ggc	tcg	cta	cgc	atg	gga	tct	tta	cat	ggt	ctt	gga	aaa	aac	3893	
His	Gly	Ser	Leu	Arg	Met	Gly	Ser	Leu	His	Gly	Leu	Gly	Lys	Asn		
1145						1150					1155					
agt	ggc	atg	gtt	gat	gga	agc	agc	ccc	agt	tct	tta	agg	gct	ttg	3938	
Ser	Gly	Met	Val	Asp	Gly	Ser	Ser	Pro	Ser	Ser	Leu	Arg	Ala	Leu		
1160						1165					1170					

aag	gag	cct	ctt	ctg	cca	gat	agc	tgt	gaa	aca	ggc	act	ggt	ctt	3983
Lys	Glu	Pro	Leu	Leu	Pro	Asp	Ser	Cys	Glu	Thr	Gly	Thr	Gly	Leu	
1175						1180					1185				
gcc	agg	att	gag	gcc	acc	cag	gct	cct	gga	gca	ccc	caa	aag	aat	4028
Ala	Arg	Ile	Glu	Ala	Thr	Gln	Ala	Pro	Gly	Ala	Pro	Gln	Lys	Asn	
1190						1195					1200				
tgc	aag	gca	gtc	cca	agt	ttt	gac	tcc	ctc	cat	cca	gtg	aca	aat	4073
Cys	Lys	Ala	Val	Pro	Ser	Phe	Asp	Ser	Leu	His	Pro	Val	Thr	Asn	
1205						1210					1215				
ccc	att	aca	tcc	tct	agg	aaa	ctg	gaa	gaa	atg	gat	tcc	aaa	gag	4118
Pro	Ile	Thr	Ser	Ser	Arg	Lys	Leu	Glu	Glu	Met	Asp	Ser	Lys	Glu	
1220						1225					1230				
cag	ttc	tct	tcc	ttt	agt	tgt	gaa	gat	cag	aag	gaa	gtc	cgt	gct	4163
Gln	Phe	Ser	Ser	Phe	Ser	Cys	Glu	Asp	Gln	Lys	Glu	Val	Arg	Ala	
1235						1240					1245				
atg	tca	cag	gac	agt	aat	tca	aat	gct	gct	cca	gga	aag	agc	cca	4208
Met	Ser	Gln	Asp	Ser	Asn	Ser	Asn	Ala	Ala	Pro	Gly	Lys	Ser	Pro	
1250						1255					1260				
gga	gat	ctt	act	acc	tcg	aga	aca	cct	cgt	ttc	tca	tct	cca	aat	4253
Gly	Asp	Leu	Thr	Thr	Ser	Arg	Thr	Pro	Arg	Phe	Ser	Ser	Pro	Asn	
1265						1270					1275				
gtg	atc	tcc	ttt	ggt	cca	gag	cag	aca	ggt	cgg	gcc	ctg	ggt	gat	4298
Val	Ile	Ser	Phe	Gly	Pro	Glu	Gln	Thr	Gly	Arg	Ala	Leu	Gly	Asp	
1280						1285					1290				
cag	age	aat	gtt	aca	ggc	caa	ggg	aag	aag	ctt	ttt	ggc	tct	ggg	4343
Gln	Ser	Asn	Val	Thr	Gly	Gln	Gly	Lys	Lys	Leu	Phe	Gly	Ser	Gly	
1295						1300					1305				
aat	gtg	gct	gca	acc	ctt	cag	cgc	ccc	agg	cct	gcg	gac	ccg	atg	4388
Asn	Val	Ala	Ala	Thr	Leu	Gln	Arg	Pro	Arg	Pro	Ala	Asp	Pro	Met	
1310						1315					1320				
cct	ctt	cct	gct	gag	atc	cct	cca	gtt	ttt	ccc	agt	ggg	aag	ttg	4433
Pro	Leu	Pro	Ala	Glu	Ile	Pro	Pro	Val	Phe	Pro	Ser	Gly	Lys	Leu	
1325						1330					1335				
gga	cca	agc	aca	aac	tcc	atg	tct	ggt	ggg	gta	cag	act	cca	agg	4478
Gly	Pro	Ser	Thr	Asn	Ser	Met	Ser	Gly	Gly	Val	Gln	Thr	Pro	Arg	
1340						1345					1350				
gaa	gac	tgg	gct	cca	aag	cca	cat	gcc	ttt	gtt	ggc	agc	gtc	aag	4523
Glu	Asp	Trp	Ala	Pro	Lys	Pro	His	Ala	Phe	Val	Gly	Ser	Val	Lys	

1355

1360

1365

aat gag aag act ttt gtg ggg	ggt cct ctt aag gca	aat gcc gag	4568
Asn Glu Lys Thr Phe Val Gly	Gly Pro Leu Lys Ala	Asn Ala Glu	
1370	1375	1380	
aac agg aaa gct act ggg cat	agt ccc ctg gaa ctg	gtg ggt cac	4613
Asn Arg Lys Ala Thr Gly His	Ser Pro Leu Glu Leu	Val Gly His	
1385	1390	1395	
tgg gaa ggg atg ccc ttt gtc	atg gac ttg ccc ttc	tgg aaa tta	4658
Leu Glu Gly Met Pro Phe Val	Met Asp Leu Pro Phe	Trp Lys Leu	
1400	1405	1410	
ccc cga gag cca ggg aag ggg	ctc agt gag cct ctg	gag cct tct	4703
Pro Arg Glu Pro Gly Lys Gly	Leu Ser Glu Pro Leu	Glu Pro Ser	
1415	1420	1425	
tct ctc ccc tcc caa ctc agc	atc aag cag gca ttt	tat ggg aag	4748
Ser Leu Pro Ser Gln Leu Ser	Ile Lys Gln Ala Phe	Tyr Gly Lys	
1430	1435	1440	
ctt tct aaa ctc caa ctg agt	tcc acc agc ttt aat	tat tcc tct	4793
Leu Ser Lys Leu Gln Leu Ser	Ser Thr Ser Phe Asn	Tyr Ser Ser	
1445	1450	1455	
agc tct ccc acc ttt ccc aaa	ggc ctt gct gga agt	gtg gtg cag	4838
Ser Ser Pro Thr Phe Pro Lys	Gly Leu Ala Gly Ser	Val Val Gln	
1460	1465	1470	
ctg agc cac aaa gca aac ttt	ggt gcg agc cac agt	gca tca ctt	4883
Leu Ser His Lys Ala Asn Phe	Gly Ala Ser His Ser	Ala Ser Leu	
1475	1480	1485	
tcc ttg caa atg ttc act gac	agc agc acg gtg gaa	agc atc tcg	4928
Ser Leu Gln Met Phe Thr Asp	Ser Ser Thr Val Glu	Ser Ile Ser	
1490	1495	1500	
ctc cag tgt gcg tgc agc ctg	aaa gcc atg atc atg	tgc caa ggc	4973
Leu Gln Cys Ala Cys Ser Leu	Lys Ala Met Ile Met	Cys Gln Gly	
1505	1510	1515	
tgc ggt gcg ttc tgt cac gat	gac tgt att gga ccc	tca aag ctc	5018
Cys Gly Ala Phe Cys His Asp	Asp Cys Ile Gly Pro	Ser Lys Leu	
1520	1525	1530	
tgt gta ttg tgc ctt gtg gtg	aga taa taaattatgg	ccatggaaaa	5065
Cys Val Leu Cys Leu Val Val	Arg		
1535	1540		

cattgtatat tttagtgtgtg tattttgata atgattgatc ttaaatctgt atacagaata 5125
tcattgatat aatactcttt aggccaggagc actcttgcct tcffffaaaa tttacactgc 5185
taaagccctc tgtcaacttgg cgacccttct ggtcttgctg gaggggtttc ctgggtataa 5245
cccattgggc tgcccaaggc cagccagcct gagctctcct gcaagacaga gcctgatgt 5305
gcacggagtg gggttgcggg gggtgggggg actgcctgac tcccagaggg acttgaaact 5365
gaagcaagaa gggtgcattc tccaccaagg gagttAACCT acctgaacta agtagaaatg 5425
ccagtcTTCC actacccct ccctgccatc ttttcttctg ctactttggg gagttgatgg 5485
ccaggaaaga agccagcaca gggttaaagt aactcctggc attgcccacc agggggctgg 5545
tgcacctgct gacctcaggg tcacagttga gtcatttgcct agttgacgga gcaagtttga 5605
ccTTggTTCT gttgctgaag caaatTTGGA actTTTCTGT ctcaGTTGTGA tccactaacc 5665
cacaggatca tttggAACCT tgaatagctc tgcttggaca atggggTTGG ggaatagggt 5725
tgtctttcct atgaaaatgc catctgtaga ccttggatgt cagccgtcca gatgtttgca 5785
ggtaattcc tctgcttgac atcctccctg tcactttggaa ccctatggga gtgggcatct 5845
ccacgcacct gtgtatgtga aagtcatTTT acatTTcaaa gcagtgtgtg tttcttattt 5905
ttatattttt aactctttat tcTTggatgt ataaagtgaa ctTTTggct tctgttaagta 5965
tgctctatgc acctctaattt ttttatcatg tatTTatatg ttgtacacag tactggctga 6025
ttctgttaat ggatgtattt tacagagaac atgaacgtct ctccctaatt ttacatTTTC 6085
agcatcatgg cattaaagtg gtgtaatctc cttctctaca tctgtttgtca gagccactga 6145
gtgtgtgtgct gctcgacgtg aggggtgaaat gattgacttg tgacctgcca ggTTgggg 6205
tgccctgttg ggtcacccggc tggacctgct gcagccctgca gagccacagt cagccctgccc 6265
acatGCCACC gagcaaACGC atcttgcTTT tcacatctct cctcctacag ctttaatggc 6325
tgcttgctgc catatgtgac aaatcaccac caccagttt aagtgcTTCT ggattcatgg 6385
gtgagttccc tggcagccc ccaggaaggc cttccagatc tggctccagg gtcaccacct 6445
gtcacagcaa tacctgggac catgctctcc tgggactgtg aggctccTT tgacgtactt 6505
ttgacatcag gcaggtttgg gaagaaacaa agccatgcct gctcctgccc ctctccccaa 6565

atgtttccag	caagtagatg	cccctgtgt	tgtttccct	tgccctgtt	cctgccttat	6625
atcttgtatt	tcgacttatt	acagagttga	gggttcttgc	ttaatttaga	tcaagtataa	6685
aatttgtatg	acttcaagtc	tcattttatc	tgaaaggttt	tttctcatt	taatctgatg	6745
tggcattttc	gtcatctgaa	gcatgagtga	caagttggga	atgatgtggt	gatttagaat	6805
gcagtattgg	ccaagtccaa	gttgtcaact	taagcgctg	tttaccaaag	accgggaaca	6865
ggggccccaaa	catgtccagt	cctcttcttc	cctctgtctgg	aacctttggg	gacactcaag	6925
ggtacagttt	gacactgatc	tggtccatga	ggctgcccag	agaaagcact	gcttctgtat	6985
gtcttttgt	gtatttggAAC	aataaacccg	tacaacctgc	a		7026

<210> 48
 <211> 1541
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

 <400> 48

Met	Lys	Asp	Lys	Gln	Lys	Lys	Lys	Glu	Arg	Thr	Trp	Ala	Glu	Ala
1				5				10				15		

Ala	Arg	Leu	Val	Leu	Glu	Asn	Tyr	Ser	Asp	Ala	Pro	Met	Thr	Pro	Lys
								25						30	

Gln	Ile	Leu	Gln	Val	Ile	Glu	Ala	Glu	Gly	Leu	Lys	Glu	Met	Arg	Ser
								35				40		45	

Gly	Thr	Ser	Pro	Leu	Ala	Cys	Leu	Asn	Ala	Met	Leu	His	Ser	Asn	Ser
								50			55		60		

Arg	Gly	Gly	Glu	Gly	Leu	Phe	Tyr	Lys	Leu	Pro	Gly	Arg	Ile	Ser	Leu
65					70				75				80		

Phe	Thr	Leu	Lys	Lys	Asp	Ala	Leu	Gln	Trp	Ser	Arg	His	Pro	Ala	Thr
								85			90		95		

Val	Glu	Gly	Glu	Glu	Pro	Glu	Asp	Thr	Ala	Asp	Val	Glu	Ser	Cys	Gly
								100			105		110		

Ser Asn Glu Ala Ser Thr Val Ser Gly Glu Asn Asp Val Ser Leu Asp
115 120 125

Glu Thr Ser Ser Asn Ala Ser Cys Ser Thr Glu Ser Gln Ser Arg Pro
130 135 140

Leu Ser Asn Pro Arg Asp Ser Tyr Arg Ala Ser Ser Gln Ala Asn Lys
145 150 155 160

Gln Lys Lys Lys Thr Gly Val Met Leu Pro Arg Val Val Leu Thr Pro
165 170 175

Leu Lys Val Asn Gly Ala His Val Glu Ser Ala Ser Gly Phe Ser Gly
180 185 190

Cys His Ala Asp Gly Glu Ser Gly Ser Pro Ser Ser Ser Ser Gly
195 200 205

Ser Leu Ala Leu Gly Ser Ala Ala Ile Arg Gly Gln Ala Glu Val Thr
210 215 220

Gln Asp Pro Ala Pro Leu Leu Arg Gly Phe Arg Lys Pro Ala Thr Gly
225 230 235 240

Gln Met Lys Arg Asn Arg Gly Glu Glu Ile Asp Phe Glu Thr Pro Gly
245 250 255

Ser Ile Leu Val Asn Thr Asn Leu Arg Ala Leu Ile Asn Ser Arg Thr
260 265 270

Phe His Ala Leu Pro Ser His Phe Gln Gln Gln Leu Leu Phe Leu Leu
275 280 285

Pro Glu Val Asp Arg Gln Val Gly Thr Asp Gly Leu Leu Arg Leu Ser
290 295 300

Ser Ser Ala Leu Asn Asn Glu Phe Phe Thr His Ala Ala Gln Ser Trp
305 310 315 320

Arg Glu Arg Leu Ala Asp Gly Glu Phe Thr His Glu Met Gln Val Arg
325 330 335

Ile Arg Gln Glu Met Glu Lys Glu Lys Lys Val Glu Gln Trp Lys Glu
340 345 350

Lys Phe Phe Glu Asp Tyr Tyr Gly Gln Lys Leu Gly Leu Thr Lys Glu
355 360 365

Glu Ser Leu Gln Gln Asn Val Gly Gln Glu Glu Ala Glu Ile Lys Ser
370 375 380

Gly Leu Cys Val Pro Gly Glu Ser Val Arg Ile Gln Arg Gly Pro Ala
385 390 395 400

Thr Arg Gln Arg Asp Gly His Phe Lys Lys Arg Ser Arg Pro Asp Leu
405 410 415

Arg Thr Arg Ala Arg Arg Asn Leu Tyr Lys Lys Gln Glu Ser Glu Gln
420 425 430

Ala Gly Val Ala Lys Asp Ala Lys Ser Val Ala Ser Asp Val Pro Leu
435 440 445

Tyr Lys Asp Gly Glu Ala Lys Thr Asp Pro Ala Gly Leu Ser Ser Pro
450 455 460

His Leu Pro Gly Thr Ser Ser Ala Ala Pro Asp Leu Glu Gly Pro Glu
465 470 475 480

Phe Pro Val Glu Ser Val Ala Ser Arg Ile Gln Ala Glu Pro Asp Asn
485 490 495

Leu Ala Arg Ala Ser Ala Ser Pro Asp Arg Ile Pro Ser Leu Pro Gln
500 505 510

Glu Thr Val Asp Gln Glu Pro Lys Asp Gln Lys Arg Lys Ser Phe Glu
515 520 525

Gln Ala Ala Ser Ala Ser Phe Pro Glu Lys Lys Pro Arg Leu Glu Asp
530 535 540

Arg Gln Ser Phe Arg Asn Thr Ile Glu Ser Val His Thr Glu Lys Pro
545 550 555 560

Gln Pro Thr Lys Glu Glu Pro Lys Val Pro Pro Ile Arg Ile Gln Leu
565 570 575

Ser Arg Ile Lys Pro Pro Trp Val Val Lys Gly Gln Pro Thr Tyr Gln
580 585 590

Ile Cys Pro Arg Ile Ile Pro Thr Thr Glu Ser Ser Cys Arg Gly Trp
595 600 605

Thr Gly Ala Arg Thr Leu Ala Asp Ile Lys Ala Arg Ala Leu Gln Val
610 615 620

Arg Gly Ala Arg Gly His His Cys His Arg Glu Ala Ala Thr Thr Ala
625 630 635 640

Ile Gly Gly Gly Gly Pro Gly Gly Gly Gly Gly Ala Thr Asp
645 650 655

Glu Gly Gly Arg Gly Ser Ser Gly Asp Gly Gly Glu Ala Cys
660 665 670

Gly His Pro Glu Pro Arg Gly Gly Pro Ser Thr Pro Gly Lys Cys Thr
675 680 685

Ser Asp Leu Gln Arg Thr Gln Leu Leu Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly
690 695 700

Glu His Thr Gln Ala Gly Thr Ala Met Ser Arg Ala Arg Arg Glu Asp
705 710 715 720

Leu Pro Ser Leu Arg Lys Glu Glu Ser Cys Leu Leu Gln Arg Ala Thr
725 730 735

Val Gly Leu Thr Asp Gly Leu Gly Asp Ala Ser Gln Leu Pro Val Ala
740 745 750

Pro Thr Gly Asp Gln Pro Cys Gln Ala Leu Pro Leu Leu Ser Ser Gln
755 760 765

Thr Ser Val Ala Glu Arg Leu Val Glu Gln Pro Gln Leu His Pro Asp
770 775 780

Val Arg Thr Glu Cys Glu Ser Gly Thr Thr Ser Trp Glu Ser Asp Asp
785 790 795 800

Glu Glu Gln Gly Pro Thr Val Pro Ala Asp Asn Gly Pro Ile Pro Ser
805 810 815

Leu Val Gly Asp Asp Thr Leu Glu Lys Gly Thr Gly Gln Ala Leu Asp
820 825 830

Ser His Pro Thr Met Lys Asp Pro Val Asn Val Thr Pro Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Glu Ser Ser Pro Thr Asp Cys Leu Gln Asn Arg Ala Phe Asp Asp
850 855 860

Glu Leu Gly Leu Gly Gly Ser Cys Pro Pro Met Arg Glu Ser Asp Thr
865 870 875 880

Arg Gln Glu Asn Leu Lys Thr Lys Ala Leu Val Ser Asn Ser Ser Leu
885 890 895

His Trp Ile Pro Ile Pro Ser Asn Asp Glu Val Val Lys Gln Pro Lys
900 905 910

Pro Glu Ser Arg Glu His Ile Pro Ser Val Glu Pro Gln Val Gly Glu
915 920 925

Glu Trp Glu Lys Ala Ala Pro Thr Pro Pro Ala Leu Pro Gly Asp Leu
930 935 940

Thr Ala Glu Glu Gly Leu Asp Pro Leu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Trp
945 950 955 960

Thr Val Pro Ser Arg Gly Gly Ser Asp Ser Asn Gly Ser Tyr Cys Gln
965 970 975

Gln Val Asp Ile Glu Lys Leu Lys Ile Asn Gly Asp Ser Glu Ala Leu
980 985 990

Ser Pro His Gly Glu Ser Thr Asp Thr Ala Ser Asp Phe Glu Gly His
995 1000 1005

Leu Thr Glu Asp Ser Ser Glu Ala Asp Thr Arg Glu Ala Ala Val
1010 1015 1020

Thr Lys Gly Ser Ser Val Asp Lys Asp Glu Lys Pro Asn Trp Asn
1025 1030 1035

Gln Ser Ala Pro Leu Ser Lys Val Asn Gly Asp Met Arg Leu Val
1040 1045 1050

Thr Arg Thr Asp Gly Met Val Ala Pro Gln Ser Trp Val Ser Arg
1055 1060 1065

Val Cys Ala Val Arg Gln Lys Ile Pro Asp Ser Leu Leu Leu Ala
1070 1075 1080

Ser Thr Glu Tyr Gln Pro Arg Ala Val Cys Leu Ser Met Pro Gly
1085 1090 1095

Ser Ser Val Glu Ala Thr Asn Pro Leu Val Met Gln Leu Leu Gln
1100 1105 1110

Gly Ser Leu Pro Leu Glu Lys Val Leu Pro Pro Ala His Asp Asp
1115 1120 1125

Ser Met Ser Glu Ser Pro Gln Val Pro Leu Thr Lys Asp Gln Ser
1130 1135 1140

His Gly Ser Leu Arg Met Gly Ser Leu His Gly Leu Gly Lys Asn
1145 1150 1155

Ser Gly Met Val Asp Gly Ser Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ala Leu
1160 1165 1170

Lys Glu Pro Leu Leu Pro Asp Ser Cys Glu Thr Gly Thr Gly Leu
1175 1180 1185

Ala Arg Ile Glu Ala Thr Gln Ala Pro Gly Ala Pro Gln Lys Asn
1190 1195 1200

Cys Lys Ala Val Pro Ser Phe Asp Ser Leu His Pro Val Thr Asn
1205 1210 1215

Pro Ile Thr Ser Ser Arg Lys Leu Glu Glu Met Asp Ser Lys Glu
1220 1225 1230

Gln Phe Ser Ser Phe Ser Cys Glu Asp Gln Lys Glu Val Arg Ala
1235 1240 1245

Met Ser Gln Asp Ser Asn Ser Asn Ala Ala Pro Gly Lys Ser Pro
1250 1255 1260

Gly Asp Leu Thr Thr Ser Arg Thr Pro Arg Phe Ser Ser Pro Asn
1265 1270 1275

Val Ile Ser Phe Gly Pro Glu Gln Thr Gly Arg Ala Leu Gly Asp
1280 1285 1290

Gln Ser Asn Val Thr Gly Gln Gly Lys Lys Leu Phe Gly Ser Gly
1295 1300 1305

Asn Val Ala Ala Thr Leu Gln Arg Pro Arg Pro Ala Asp Pro Met
1310 1315 1320

Pro Leu Pro Ala Glu Ile Pro Pro Val Phe Pro Ser Gly Lys Leu
1325 1330 1335

Gly Pro Ser Thr Asn Ser Met Ser Gly Gly Val Gln Thr Pro Arg
1340 1345 1350

Glu Asp Trp Ala Pro Lys Pro His Ala Phe Val Gly Ser Val Lys
1355 1360 1365

Asn Glu Lys Thr Phe Val Gly Gly Pro Leu Lys Ala Asn Ala Glu
1370 1375 1380

Asn Arg Lys Ala Thr Gly His Ser Pro Leu Glu Leu Val Gly His
1385 1390 1395

Leu Glu Gly Met Pro Phe Val Met Asp Leu Pro Phe Trp Lys Leu
1400 1405 1410

Pro Arg Glu Pro Gly Lys Gly Leu Ser Glu Pro Leu Glu Pro Ser
1415 1420 1425

Ser Leu Pro Ser Gln Leu Ser Ile Lys Gln Ala Phe Tyr Gly Lys
1430 1435 1440

Leu Ser Lys Leu Gln Leu Ser Ser Thr Ser Phe Asn Tyr Ser Ser
1445 1450 1455

Ser Ser Pro Thr Phe Pro Lys Gly Leu Ala Gly Ser Val Val Gln
1460 1465 1470

Leu Ser His Lys Ala Asn Phe Gly Ala Ser His Ser Ala Ser Leu
1475 1480 1485

Ser Leu Gln Met Phe Thr Asp Ser Ser Thr Val Glu Ser Ile Ser
1490 1495 1500

Leu Gln Cys Ala Cys Ser Leu Lys Ala Met Ile Met Cys Gln Gly
1505 1510 1515

Cys Gly Ala Phe Cys His Asp Asp Cys Ile Gly Pro Ser Lys Leu
1520 1525 1530

Cys Val Leu Cys Leu Val Val Arg
1535 1540

<210> 49

<211> 3124

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (313)..(1731)

<223>

<400> 49

taagatccac atcagctcaa ctgcacttgc ctgcgcagg cagcccgctc acttccccgg 60

gaggcgctcc ccggcgccgc gctccgcggc agccgcctgc ccccgccgt gcgcgcgc 120

gcgcgcgcgc cgccgcggcc ggcgcacgcgc cgcgcgcgcag ctctgggctt cctcttcgccc 180

cgggtggcgt tgggccccgcg cggcgctcg ggtgactgca gctgctcagc tcccccccc 240

cgcgcgcgc cgcgcgcgc cccgtcgctt cgcacaggc tggatggttg tattggcag 300

ggtgtggctcca gg atg tta gga act gtg aag atg gaa ggg cat gaa acc agc 351

Met Leu Gly Thr Val Lys Met Glu Gly His Glu Thr Ser
1 5 10

gac tgg aac agc tac tac gca gac acg cag gag gcc tac tcc tcc gtc 399
Asp Trp Asn Ser Tyr Tyr Ala Asp Thr Gln Glu Ala Tyr Ser Ser Val
15 20 25

ccg gtc agc aac atg aac tca ggc ctg ggc tcc atg aac tcc atg aac 447

Pro Val Ser Asn Met Asn Ser Gly Leu Gly Ser Met Asn Ser Met Asn
30 35 40 45

acc tac atg acc atg aac acc atg act acg agc ggc aac atg acc ccg 495
Thr Tyr Met Thr Met Asn Thr Thr Ser Gly Asn Met Thr Pro
50 55 60

gcg tcc ttc aac atg tcc tat gcc aac ccg ggc cta ggg gcc ggc ctg 543
Ala Ser Phe Asn Met Ser Tyr Ala Asn Pro Gly Leu Gly Ala Gly Leu
65 70 75

agt ccc ggc gca gta gcc ggc atg ccg ggg ggc tcg gcg ggc gcc atg 591
Ser Pro Gly Ala Val Ala Gly Met Pro Gly Gly Ser Ala Gly Ala Met
80 85 90

aac agc atg act gcg gcc ggc gtg acg gcc atg ggt acg gcg ctg agc 639
Asn Ser Met Thr Ala Ala Gly Val Thr Ala Met Gly Thr Ala Leu Ser
95 100 105

ccg agc ggc atg ggc gcc atg ggt gcg cag cag gcg gcc tcc atg aat 687
Pro Ser Gly Met Gly Ala Met Gly Ala Gln Gln Ala Ala Ser Met Asn
110 115 120 125

ggc ctg ggc ccc tac gcg gcc gcc atg aac ccg tgc atg agc ccc atg 735
Gly Leu Gly Pro Tyr Ala Ala Ala Met Asn Pro Cys Met Ser Pro Met
130 135 140

gcg tac gcg ccg tcc aac ctg ggc cgc agc cgc gcg ggc ggc ggc ggc 783
Ala Tyr Ala Pro Ser Asn Leu Gly Arg Ser Arg Ala Gly Gly Gly Gly
145 150 155

gac gcc aag acg ttc aag cgc agc tac ccg cac gcc aag ccg ccc tac 831
Asp Ala Lys Thr Phe Lys Arg Ser Tyr Pro His Ala Lys Pro Pro Tyr
160 165 170

tcg tac atc tcg ctc atc acc atg gcc atc cag cag gcg ccc agc aag 879
Ser Tyr Ile Ser Leu Ile Thr Met Ala Ile Gln Gln Ala Pro Ser Lys
175 180 185

atg ctc acg ctg agc gag atc tac cag tgg atc atg gac ctc ttc ccc 927
Met Leu Thr Leu Ser Glu Ile Tyr Gln Trp Ile Met Asp Leu Phe Pro
190 195 200 205

tat tac cgg cag aac cag cag cgc tgg cag aac tcc atc cgc cac tcg 975
Tyr Tyr Arg Gln Asn Gln Gln Arg Trp Gln Asn Ser Ile Arg His Ser
210 215 220

ctg tcc ttc aat gac tgc ttc gtc aag gtg gca cgc tcc ccg gac aag 1023
Leu Ser Phe Asn Asp Cys Phe Val Lys Val Ala Arg Ser Pro Asp Lys
225 230 235

ccg	ggc	aag	ggc	tcc	ta	c	tgg	acg	ctg	ca	c	ccg	ga	c	tcc	ggc	aa	c	atg	1071
Pro	Gly	Lys	Gly	Ser	Tyr	Trp	Thr	Leu	His	Pro	Asp	Ser	Gly	Asn	Met					
		240					245					250								
tcc	gag	aac	ggc	tgc	ta	c	ttg	cgc	cgc	cag	aag	cgc	ttc	aag	tgc	gag	1119			
Phe	Glu	Asn	Gly	Cys	Tyr	Leu	Arg	Arg	Gln	Lys	Arg	Phe	Lys	Cys	Glu					
		255					260				265									
aag	cag	ccg	ggg	gcc	ggc	ggc	ggg	ggc	ggg	ggc	ggg	ggc	ggc	ggg	ggc	ggc	ggc	ggc	ggc	1167
Lys	Gln	Pro	Gly	Ala	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Gly	Ser						
		270					275				280				285					
ggc	gcc	aag	ggc	ggc	cct	gag	agc	cgc	aag	gac	ccc	tct	ggc	gcc	tct	1215				
Gly	Ala	Lys	Gly	Gly	Pro	Glu	Ser	Arg	Lys	Asp	Pro	Ser	Gly	Ala	Ser					
		290					295					300								
aac	ccc	agc	gcc	gac	tcg	ccc	ctc	cat	cgg	ggt	gtg	cac	ggg	aag	acc	1263				
Asn	Pro	Ser	Ala	Asp	Ser	Pro	Leu	His	Arg	Gly	Val	His	Gly	Lys	Thr					
		305					310					315								
ggc	cag	cta	gag	ggc	gcg	ccg	gcc	ccc	ggg	ccc	gcc	gcc	agc	ccc	cag	1311				
Gly	Gln	Leu	Glu	Gly	Ala	Pro	Ala	Pro	Gly	Pro	Ala	Ala	Ser	Pro	Gln					
		320					325				330									
act	ctg	gac	cac	agt	ggg	gcg	acg	gcg	aca	ggg	ggc	gcc	tcg	gag	ttg	1359				
Thr	Leu	Asp	His	Ser	Gly	Ala	Thr	Ala	Thr	Gly	Gly	Ala	Ser	Glu	Leu					
		335					340				345									
aag	act	cca	gcc	tcc	tca	act	gcg	ccc	ccc	ata	agc	tcc	ggg	ccc	ggg	1407				
Lys	Thr	Pro	Ala	Ser	Ser	Thr	Ala	Pro	Pro	Ile	Ser	Ser	Gly	Pro	Gly					
		350					355				360			365						
gcg	ctg	gcc	tct	gtg	ccc	gcc	tct	cac	ccg	gca	cac	ggc	ttg	gca	ccc	1455				
Ala	Leu	Ala	Ser	Val	Pro	Ala	Ser	His	Pro	Ala	His	Gly	Leu	Ala	Pro					
		370					375					380								
cac	gag	tcc	cag	ctg	ca	c	ctg	aaa	ggg	ga	ccc	ca	ta	tc	ttc	aa	1503			
His	Glu	Ser	Gln	Leu	His	Leu	Lys	Gly	Asp	Pro	His	Tyr	Ser	Phe	Asn					
		385					390					395								
cac	ccg	ttc	tcc	atc	aa	aa	ctc	atg	tcc	tcc	tcg	gag	cag	cag	cat	1551				
His	Pro	Phe	Ser	Ile	Asn	Asn	Leu	Met	Ser	Ser	Ser	Glu	Gln	Gln	His					
		400					405				410									
aag	ctg	gac	ttc	aag	gca	ta	c	gaa	cag	gca	ctg	caa	ta	tcg	cct	ta	1599			
Lys	Leu	Asp	Phe	Lys	Ala	Tyr	Glu	Gln	Ala	Leu	Gln	Tyr	Ser	Pro	Tyr					
		415					420				425									
ggc	tct	acg	ttg	ccc	gcc	agc	ctg	cct	cta	ggc	agc	gcc	tcg	gtg	acc	1647				

Gly Ser Thr Leu Pro Ala Ser Leu Pro Leu Gly Ser Ala Ser Val Thr
430 435 440 445

acc agg agc ccc atc gag ccc tca gcc ctg gag ccg gcg tac tac caa 1695
Thr Arg Ser Pro Ile Glu Pro Ser Ala Leu Glu Pro Ala Tyr Tyr Gln
450 455 460

ggt gtg tat tcc aga ccc gtc cta aac act tcc tag ctccccgggac 1741
Gly Val Tyr Ser Arg Pro Val Leu Asn Thr Ser
465 470

tggggggttt gtctggata gccatgctgg tagcaagaga gaaaaaatca acagcaaaca 1801

aaaccacaca aaccaaaccg tcaacagcat aataaaaatcc caacaactat ttttatttca 1861

ttttcatgc acaacctttc ccccagtgc aaagactgtt actttattat tgtattcaaa 1921

attcatttgt tatattacta caaagacaac cccaaaccaa ttttttctt gcgaagttt 1981

atgatccaca agtgttatata tgaaattctc ctccttcctt gccccctct ctttttccc 2041

tcttccctt ccagacattc tagtttgtgg agggttatTT aaaaaaacAA aaaaggaaga 2101

tggtaagtt tgtaaaatat ttgtttgtgc ttttccccc tccttacctg accccctacg 2161

agtttacagg tctgtggcaa tactcttaac cataagaatt gaaatggta agaaacaagt 2221

atacactaga ggctcttaaa agtattgaaa gacaatactg ctgttatata gcaagacata 2281

aacagattat aaacatcaga gccatTTgct tctcagttt catttctgtat acatgcagat 2341

agcagatgtc tttaatgaa atacatgtat attgtgtatg gacttaatTA tgcacatgct 2401

cagatgtgt aacatcctcc gtatatttac ataacatata gaggtatAG ataggtata 2461

taatgtatAC attctcaaga gttgcttgac cgaaagtta aaggacccca acccctttgt 2521

cctctctacc cacagatggc cctggaaatc aattccttag gaattgcctt caagaactct 2581

gcTTCTTGTt ttgcagagtccatggtcat gtcattctga ggtcacataa cacataaaat 2641

tagttctat gagtgtatac catttaaaga atttttttt cagtaaaagg gaatattaca 2701

atgttggagg agagataagt tatagggagc tggatttcaa aacgtggtcc aagattcaaa 2761

aatcctattt atagtggcca tttaatcat tgccatcgat tgcttgcattc atccagtgat 2821

atgcactttc cacagttggc catgggttta gtatagccag acgggtttca ttattatttc 2881

tctttgtttt ctcaatgtta atttatttgc tggtttattt cttttcttta cagctgaaat 2941

tgctttaat gatggttaaa attacaaatt aaattgttaa ttttatcaa tgtgattgt 3001
attaaaaata ttttgattt aataacaaaa ataataccag atttaagcc gtggaaaatg 3061
ttcttgcata tttgcagttt aggactttaa ataaatcaaa tgtaacaaa aaaaaaaaaa 3121
aaa 3124

<210> 50
<211> 472
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 50

Met Leu Gly Thr Val Lys Met Glu Gly His Glu Thr Ser Asp Trp Asn
1 5 10 15

Ser Tyr Tyr Ala Asp Thr Gln Glu Ala Tyr Ser Ser Val Pro Val Ser
20 25 30

Asn Met Asn Ser Gly Leu Gly Ser Met Asn Ser Met Asn Thr Tyr Met
35 40 45

Thr Met Asn Thr Met Thr Thr Ser Gly Asn Met Thr Pro Ala Ser Phe
50 55 60

Asn Met Ser Tyr Ala Asn Pro Gly Leu Gly Ala Gly Leu Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Val Ala Gly Met Pro Gly Gly Ser Ala Gly Ala Met Asn Ser Met
85 90 95

Thr Ala Ala Gly Val Thr Ala Met Gly Thr Ala Leu Ser Pro Ser Gly
100 105 110

Met Gly Ala Met Gly Ala Gln Gln Ala Ala Ser Met Asn Gly Leu Gly
115 120 125

Pro Tyr Ala Ala Ala Met Asn Pro Cys Met Ser Pro Met Ala Tyr Ala

130

135

140

Pro Ser Asn Leu Gly Arg Ser Arg Ala Gly Gly Gly Gly Asp Ala Lys
145 150 155 160

Thr Phe Lys Arg Ser Tyr Pro His Ala Lys Pro Pro Tyr Ser Tyr Ile
165 170 175

Ser Leu Ile Thr Met Ala Ile Gln Gln Ala Pro Ser Lys Met Leu Thr
180 185 190

Leu Ser Glu Ile Tyr Gln Trp Ile Met Asp Leu Phe Pro Tyr Tyr Arg
195 200 205

Gln Asn Gln Gln Arg Trp Gln Asn Ser Ile Arg His Ser Leu Ser Phe
210 215 220

Asn Asp Cys Phe Val Lys Val Ala Arg Ser Pro Asp Lys Pro Gly Lys
225 230 235 240

Gly Ser Tyr Trp Thr Leu His Pro Asp Ser Gly Asn Met Phe Glu Asn
245 250 255

Gly Cys Tyr Leu Arg Arg Gln Lys Arg Phe Lys Cys Glu Lys Gln Pro
260 265 270

Gly Ala Gly Gly Gly Ser Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ala Lys
275 280 285

Gly Gly Pro Glu Ser Arg Lys Asp Pro Ser Gly Ala Ser Asn Pro Ser
290 295 300

Ala Asp Ser Pro Leu His Arg Gly Val His Gly Lys Thr Gly Gln Leu
305 310 315 320

Glu Gly Ala Pro Ala Pro Gly Pro Ala Ala Ser Pro Gln Thr Leu Asp
325 330 335

His Ser Gly Ala Thr Ala Thr Gly Gly Ala Ser Glu Leu Lys Thr Pro
340 345 350

Ala Ser Ser Thr Ala Pro Pro Ile Ser Ser Gly Pro Gly Ala Leu Ala
355 360 365

Ser Val Pro Ala Ser His Pro Ala His Gly Leu Ala Pro His Glu Ser
370 375 380

Gln Leu His Leu Lys Gly Asp Pro His Tyr Ser Phe Asn His Pro Phe
385 390 395 400

Ser Ile Asn Asn Leu Met Ser Ser Ser Glu Gln Gln His Lys Leu Asp
405 410 415

Phe Lys Ala Tyr Glu Gln Ala Leu Gln Tyr Ser Pro Tyr Gly Ser Thr
420 425 430

Leu Pro Ala Ser Leu Pro Leu Gly Ser Ala Ser Val Thr Thr Arg Ser
435 440 445

Pro Ile Glu Pro Ser Ala Leu Glu Pro Ala Tyr Tyr Gln Gly Val Tyr
450 455 460

Ser Arg Pro Val Leu Asn Thr Ser
465 470

<210> 51
<211> 3780
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (960)..(2282)
<223>

<400> 51
agagcgctgc cggccggcgt ttccggccgg agccgggggc cggggccat catgctgagg 60

cggctcgaaa	cgctgtgcgaa	ggaagccgtg	ggggcgcgcg	agcccagcat	tgacactgt	120
caggcattcg	tggagcactg	gaagggcata	acgcactact	acatcgagag	cacagatgaa	180
agcacccccg	ccaagaagac	agacattccc	tggcggtgt	agcagatgt	ggatatcctg	240
gttatgaag	agcagcagca	ggcgccccgg	ggtgaggcag	ggccctgcct	ggagtagtac	300
ctgcagcaca	agatcctgga	gactctctgc	acgctggca	aggccgagta	ccccccaggc	360
atgcggcage	aggtgttcca	gttcttcage	aaggttctgg	cgcagggtgc	gcacccccctg	420
ctgcattacc	tcagcgtcca	caggcctgtg	cagaaactcc	tccgacttgg	tggactgt	480
tccggatccg	ttacagaaaa	ggaggagggtg	cagttcacca	ccgtcctctg	ctccaagatc	540
cagcaggacc	cagagctgct	cgcctacatc	ctggaaaggta	aaaagattgt	aggtaggaag	600
aaagcatgct	gagaacccac	tgcctgcct	aaggacacaa	ccagccacgg	ggacaaggac	660
tgtccccacg	atggtgctcc	tgcctaggccc	cagctggacg	gggagtcctg	tggggccctg	720
gccttgaaca	gccacatgcc	tgctgagacc	gaggagctgg	acgggtggac	cacagagagc	780
aacctgat	cctccctgct	tgggctgtgc	cagagcaaga	agagtctgggt	ggccttgaag	840
gcccaggaga	acctgctgct	cctggtgagc	atggcctccc	cagcagctgc	cacctacctg	900
gtacagagca	gcgcctgctg	ccctgcgatc	gtccggact	ttgccagttg	tacgggtcc	959
atg cct gtc ttc ctg gac ccc gca gac att gcc acc tta gag ggc atc						1007
Met Pro Val Phe Leu Asp Pro Ala Asp Ile Ala Thr Leu Glu Gly Ile						
1	5	10	15			
agc tgg agg tta ccc agt gcc ccg tct gat gag gct tcc ttc cct ggc						1055
Ser Trp Arg Leu Pro Ser Ala Pro Ser Asp Glu Ala Ser Phe Pro Gly						
20	25	30				
aag gag gcc ttg gct gcc ttc ttg ggc tgg ttt gat tac tgc gac cac						1103
Lys Glu Ala Leu Ala Ala Phe Leu Gly Trp Phe Asp Tyr Cys Asp His						
35	40	45				
ctc atc aca gag gca cac acg gtg gtt gcg gac gcc ttg gcg aag gct						1151
Leu Ile Thr Glu Ala His Thr Val Val Ala Asp Ala Leu Ala Lys Ala						
50	55	60				
gtg gct gag aac ttc ttc gtg gag acc ctg cag ccc cag ctc ctg cac						1199
Val Ala Glu Asn Phe Phe Val Glu Thr Leu Gln Pro Gln Leu Leu His						
65	70	75	80			

gtg tcc gag cag agc atc ttg acc tcc acc gcc ctc ctc aca gcc atg		1247
Val Ser Glu Gln Ser Ile Leu Thr Ser Thr Ala Leu Leu Thr Ala Met		
85	90	95
ctg cgc cag ctt cgc tcc cct gcg ctg ctg cgg gag gcc gtc gct ttc		1295
Leu Arg Gln Leu Arg Ser Pro Ala Leu Leu Arg Glu Ala Val Ala Phe		
100	105	110
ctc ctg ggc aca gac cgg cag cct gaa gcc ccc ggg gac aac ccc cac		1343
Leu Leu Gly Thr Asp Arg Gln Pro Glu Ala Pro Gly Asp Asn Pro His		
115	120	125
acc ctg tat gct cat ctc atc ggg cat tgt gac cac ctc tct gat gag		1391
Thr Leu Tyr Ala His Leu Ile Gly His Cys Asp His Leu Ser Asp Glu		
130	135	140
atc agc atc acc aca ctc cgg ctg ttt gag gag ctg ctg cag aag ccc		1439
Ile Ser Ile Thr Thr Leu Arg Leu Phe Glu Glu Leu Leu Gln Lys Pro		
145	150	155
cac gag ggg atc atc cac agc ctg gtc ctg cgc aac ctt gag ggc cgc		1487
His Glu Gly Ile Ile His Ser Leu Val Leu Arg Asn Leu Glu Gly Arg		
165	170	175
cct tac gtg gcc tgg ggc tca cca gag cct gag agc tat gag gac acc		1535
Pro Tyr Val Ala Trp Gly Ser Pro Glu Pro Glu Ser Tyr Glu Asp Thr		
180	185	190
cta gac ctg gag gaa gac ccc tac ttc acc gac agc ttc ctg gat tcc		1583
Leu Asp Leu Glu Glu Asp Pro Tyr Phe Thr Asp Ser Phe Leu Asp Ser		
195	200	205
ggc ttt caa act ccc gca aag cct cgc cta gct cct gct acc agt tac		1631
Gly Phe Gln Thr Pro Ala Lys Pro Arg Leu Ala Pro Ala Thr Ser Tyr		
210	215	220
gat ggc aaa aca gca gtg acc gag atc gtc aac agt ttc ctg tgc ctg		1679
Asp Gly Lys Thr Ala Val Thr Glu Ile Val Asn Ser Phe Leu Cys Leu		
225	230	235
240		
gtc ccc gag gaa gcc aag acc tct gcc ttc ctg gag gag aca ggc tat		1727
Val Pro Glu Glu Ala Lys Thr Ser Ala Phe Leu Glu Glu Thr Gly Tyr		
245	250	255
gac aca tac gtc cac gat gct tat ggc ctg ttc cag gag tgc agc tcc		1775
Asp Thr Tyr Val His Asp Ala Tyr Gly Leu Phe Gln Glu Cys Ser Ser		
260	265	270
cgc gtc gcc tcc tgg ggc tgg cct ctg acc ccc aca cct ttg gac ccc		1823
Arg Val Ala Ser Trp Gly Trp Pro Leu Thr Pro Thr Pro Leu Asp Pro		

275

280

285

cat gag ccc gag cga cct ttc ttc gag ggc cac ttc ctc cga gtg ctg		1871	
His Glu Pro Glu Arg Pro Phe Phe Glu Gly His Phe Leu Arg Val Leu			
290	295	300	
ttt gac cgc atg tcc cgg att ctg gat cag cca tac agc ctg aac ctg		1919	
Phe Asp Arg Met Ser Arg Ile Leu Asp Gln Pro Tyr Ser Leu Asn Leu			
305	310	315	320
cag gtg acc tcg gtc ctg tcc cgg ctt gcc ctc ttc ccc cac ccc cat		1967	
Gln Val Thr Ser Val Leu Ser Arg Leu Ala Leu Phe Pro His Pro His			
325	330	335	
att cat gag tac ctg ctg gat ccg tac atc agc ctg gcc ccc ggc tgc		2015	
Ile His Glu Tyr Leu Leu Asp Pro Tyr Ile Ser Leu Ala Pro Gly Cys			
340	345	350	
agg agc cta ttc tcc gtg ttg gtg agg gtg atc ggg gac ttg atg cag		2063	
Arg Ser Leu Phe Ser Val Leu Val Arg Val Ile Gly Asp Leu Met Gln			
355	360	365	
aga atc cag agg gta ccc cag ttc cca ggc aag ctg ctc ctg gtg cgc		2111	
Arg Ile Gln Arg Val Pro Gln Phe Pro Gly Lys Leu Leu Leu Val Arg			
370	375	380	
aag cag ttg acg ggc cag gct cct ggg gag cag ctg gac cac cag acc		2159	
Lys Gln Leu Thr Gly Gln Ala Pro Gly Glu Gln Leu Asp His Gln Thr			
385	390	395	400
ctc ctc cag ggc gtg gtg ctg gag gag ttc tgc aag gag ctg gct		2207	
Leu Leu Gln Gly Val Val Val Leu Glu Glu Phe Cys Lys Glu Leu Ala			
405	410	415	
gcc att gcc ttc gtc aag ttt ccc cca cat gat cct cgc cag aac gtc		2255	
Ala Ile Ala Phe Val Lys Phe Pro Pro His Asp Pro Arg Gln Asn Val			
420	425	430	
tcc cca gcc ccg gaa ggg cag gtc tga gccagcacca gggcggtggg		2302	
Ser Pro Ala Pro Glu Gly Gln Val			
435	440		
agactcctgt ccacacctct gccccagagc tgcctccctgc ctggcactgc cgccacactc		2362	
ccctcctggg atggggcttc tgctccggg ctcactcaag gagactgccc catgttggacc		2422	
acaccagact gggtttcagg gaatgggcat gccaggtgcc aaggagccaa acagatggct		2482	
ttccaggcag caaggtcctt ggggccttct tggaggagct tgggtgacag ccaggtgagc		2542	

acccagaccc	cagaccctca	tgtgctgtgt	gcctggcccc	ttctgtactg	gccatTTgt	2602
gcctaggcga	agcctgtgac	tcaactccag	gggcaagatg	gggagtgagc	tgtatggctcc	2662
gagactggtc	aggagcccag	gccagtgaga	tggggccctgg	agccttgtct	gtgtcacatt	2722
aggtaaccatg	ggagctgctg	agacctgaca	ttttgtcccc	tgcctacatg	gcttggccca	2782
tggagaaggaa	gcagtgaatg	ggatcgtcgg	ggaagccctt	cttcctgctc	tgctccctgt	2842
gaaactgttg	caaaaactccc	agccggctca	tggcaaattgc	ccaaaggcatg	ttccgcaccc	2902
aggcgggggc	ccctgctaatt	gagaaccttg	gtgcagctgc	agccaggagg	ggagcgggccc	2962
caggagccag	gctcaggtcc	agctggttcc	tctctggcgc	cttctgaacc	cgtctcagca	3022
ggtccacagc	acctggcag	aggtcagaga	ccaggggagg	ccgggccttg	ccctcccttc	3082
tgcccagggc	ccagtgttct	tgatagaaga	cccttctggg	gagccagggaa	gctcagggga	3142
cagataaggg	aaggacgccc	cctgactcca	ggcccttgag	cctggcggga	agtggctgcg	3202
gcccagggcag	ccagtcctgg	tggtgttctc	cctgcatgcc	ctccgtggct	gggctgccac	3262
cccacccggc	ccgaatctgt	cttgacctgc	aggaatacac	gggcggcgcc	aggcattacc	3322
tcacagcggg	actacacagt	tgctggcttt	gctcctgggc	aaggaggagc	aggccagagc	3382
ctctttgct	tcctttctt	gcccatgccg	cttctagaag	ccaggcacag	gttgccaaaga	3442
ggtgacacga	aacaggagga	aactcaagtga	cctctgcctc	tcccacattc	ctccccgcgg	3502
gggaggacct	cggcgctctg	aagagcacccg	tgcacatgtg	ggtgccacaaa	cgtgggtgtt	3562
ggtgtggacg	gggcgcagat	ctccgtggat	gaactgcgtc	tggactctta	gattcataaaa	3622
atattcgagg	gtttggagtt	cacagaccct	cccctctcct	cagtgcactt	tggcatttgc	3682
acggtgtctt	ccccggacag	cacagcaata	aatggtgtga	ttgcgtggaa	aaaaaaaaaa	3742
aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa			3780

<210> 52
 <211> 440
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens
 <400> 52

Met Pro Val Phe Leu Asp Pro Ala Asp Ile Ala Thr Leu Glu Gly Ile
1 5 10 15

Ser Trp Arg Leu Pro Ser Ala Pro Ser Asp Glu Ala Ser Phe Pro Gly
20 25 30

Lys Glu Ala Leu Ala Ala Phe Leu Gly Trp Phe Asp Tyr Cys Asp His
35 40 45

Leu Ile Thr Glu Ala His Thr Val Val Ala Asp Ala Leu Ala Lys Ala
50 55 60

Val Ala Glu Asn Phe Phe Val Glu Thr Leu Gln Pro Gln Leu Leu His
65 70 75 80

Val Ser Glu Gln Ser Ile Leu Thr Ser Thr Ala Leu Leu Thr Ala Met
85 90 95

Leu Arg Gln Leu Arg Ser Pro Ala Leu Leu Arg Glu Ala Val Ala Phe
100 105 110

Leu Leu Gly Thr Asp Arg Gln Pro Glu Ala Pro Gly Asp Asn Pro His
115 120 125

Thr Leu Tyr Ala His Leu Ile Gly His Cys Asp His Leu Ser Asp Glu
130 135 140

Ile Ser Ile Thr Thr Leu Arg Leu Phe Glu Glu Leu Leu Gln Lys Pro
145 150 155 160

His Glu Gly Ile Ile His Ser Leu Val Leu Arg Asn Leu Glu Gly Arg
165 170 175

Pro Tyr Val Ala Trp Gly Ser Pro Glu Pro Glu Ser Tyr Glu Asp Thr
180 185 190

Leu Asp Leu Glu Glu Asp Pro Tyr Phe Thr Asp Ser Phe Leu Asp Ser
195 200 205

Gly Phe Gln Thr Pro Ala Lys Pro Arg Leu Ala Pro Ala Thr Ser Tyr
210 215 220

Asp Gly Lys Thr Ala Val Thr Glu Ile Val Asn Ser Phe Leu Cys Leu
225 230 235 240

Val Pro Glu Glu Ala Lys Thr Ser Ala Phe Leu Glu Glu Thr Gly Tyr
245 250 255

Asp Thr Tyr Val His Asp Ala Tyr Gly Leu Phe Gln Glu Cys Ser Ser
260 265 270

Arg Val Ala Ser Trp Gly Trp Pro Leu Thr Pro Thr Pro Leu Asp Pro
275 280 285

His Glu Pro Glu Arg Pro Phe Phe Glu Gly His Phe Leu Arg Val Leu
290 295 300

Phe Asp Arg Met Ser Arg Ile Leu Asp Gln Pro Tyr Ser Leu Asn Leu
305 310 315 320

Gln Val Thr Ser Val Leu Ser Arg Leu Ala Leu Phe Pro His Pro His
325 330 335

Ile His Glu Tyr Leu Leu Asp Pro Tyr Ile Ser Leu Ala Pro Gly Cys
340 345 350

Arg Ser Leu Phe Ser Val Leu Val Arg Val Ile Gly Asp Leu Met Gln
355 360 365

Arg Ile Gln Arg Val Pro Gln Phe Pro Gly Lys Leu Leu Leu Val Arg
370 375 380

Lys Gln Leu Thr Gly Gln Ala Pro Gly Glu Gln Leu Asp His Gln Thr
385 390 395 400

Leu Leu Gln Gly Val Val Val Leu Glu Glu Phe Cys Lys Glu Leu Ala
405 410 415

Ala Ile Ala Phe Val Lys Phe Pro Pro His Asp Pro Arg Gln Asn Val
420 425 430

Ser Pro Ala Pro Glu Gly Gln Val
435 440

<210> 53

<211> 1175

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (68)..(895)

<223>

<400> 53

cccggtcgcc gcggtcgcc cgccggctgcaggatagc tagcggccag gagaaataca 60

gtggaaa atg caa aac aac gaa att ata aag cct gcc aaa tac ttc tca 109
Met Gln Asn Asn Glu Ile Ile Lys Pro Ala Lys Tyr Phe Ser
1 5 10

gaa ttg gaa aag agc atc ctg ctg gct tta gta gaa aag tat aaa tat 157
Glu Leu Glu Lys Ser Ile Leu Leu Ala Leu Val Glu Lys Tyr Lys Tyr
15 20 25 30

gtg ctg gaa tgt aag aaa agt gat gcg cga act att gcc ctt aag cag 205
Val Leu Glu Cys Lys Ser Asp Ala Arg Thr Ile Ala Leu Lys Gln
35 40 45

cgt acc tgg cag gcg ctg gcc cac gaa tac aac tct cag ccc agc gtg 253
Arg Thr Trp Gln Ala Leu Ala His Glu Tyr Asn Ser Gln Pro Ser Val
50 55 60

tcc ctg cgg gat ttc aaa cag ctg aag aag tgc tgg gag aac atc aag 301
Ser Leu Arg Asp Phe Lys Gln Leu Lys Lys Cys Trp Glu Asn Ile Lys
65 70 75

gct cgg acc aaa aaa att atg gcc cat gaa agg aga gag aaa gtg aaa 349
Ala Arg Thr Lys Lys Ile Met Ala His Glu Arg Arg Glu Lys Val Lys
80 85 90

cgg agc gtc agc cct ctc ctg agt acc cac gtc cta ggg aag gag aag 397

Arg Ser Val Ser Pro Leu Leu Ser Thr His Val Leu Gly Lys Glu Lys
95 100 105 110

atc gcc agc atg ctg ccg gag cag ctc tac ttc ctg cag agc ccc ccg 445
Ile Ala Ser Met Leu Pro Glu Gln Leu Tyr Phe Leu Gln Ser Pro Pro
115 120 125

gag gag gag ccc gaa tac cac ccc gac gcc tca gcc caa gaa tca ttt 493
Glu Glu Glu Pro Glu Tyr His Pro Asp Ala Ser Ala Gln Glu Ser Phe
130 135 140

gct gtt tca aat aga gaa ctg tgc gat gat gag aaa gag ttc ata cat 541
Ala Val Ser Asn Arg Glu Leu Cys Asp Asp Glu Lys Glu Phe Ile His
145 150 155

ttt cca gta tgt gag ggg acc tct caa cct gaa ccc tcg tgt tca gct 589
Phe Pro Val Cys Glu Gly Thr Ser Gln Pro Glu Pro Ser Cys Ser Ala
160 165 170

gtc aga ata aca gcc aat aaa aac tac agg agc aaa acc tct cag gaa 637
Val Arg Ile Thr Ala Asn Lys Asn Tyr Arg Ser Lys Thr Ser Gln Glu
175 180 185 190

ggt gct tta aaa aag atg cat gag gaa gaa cac cat caa caa atg tcc 685
Gly Ala Leu Lys Lys Met His Glu Glu Glu His His Gln Gln Met Ser
195 200 205

atc tta caa ctg caa ctg ata caa atg aat gag gtg cat gtg gcc aaa 733
Ile Leu Gln Leu Gln Ile Gln Met Asn Glu Val His Val Ala Lys
210 215 220

atc cag cag ata gag cga gag tgt gag atg gca gag gag gaa cac agg 781
Ile Gln Gln Ile Glu Arg Glu Cys Glu Met Ala Glu Glu Glu His Arg
225 230 235

ata aaa atg gaa gtt ctc aat aaa aag aag atg tat tgg gaa aga aaa 829
Ile Lys Met Glu Val Leu Asn Lys Lys Lys Met Tyr Trp Glu Arg Lys
240 245 250

cta caa act ttt acc aag gaa tgg cct gtt tcc tca ttt aac cgg ccc 877
Leu Gln Thr Phe Thr Lys Glu Trp Pro Val Ser Ser Phe Asn Arg Pro
255 260 265 270

ttt ccc aat tcg ccc taa gactttgggg gtggctctct tgtaattaat 925
Phe Pro Asn Ser Pro
275

ctgtgttggc aaagaatgtc tggaacatgg acttggcggt cagtaacctg taacagagct 985
acaacttagga aaatttagagt ggttagtagtc acttatttaa gaattcatc aggttaaacag 1045

ctgcaccctc tgtacccctt aagtggcaaa gaagctgtta tagtcttctg aaaattatca 1105
ctatgagtc tataattctg aatataatgt ctcttaatta gaattcatac aagaaaaaaa 1165
aaaaaaaaaa 1175

<210> 54
<211> 275
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 54

Met Gln Asn Asn Glu Ile Ile Lys Pro Ala Lys Tyr Phe Ser Glu Leu
1 5 10 15

Glu Lys Ser Ile Leu Leu Ala Leu Val Glu Lys Tyr Lys Tyr Val Leu
20 25 30

Glu Cys Lys Lys Ser Asp Ala Arg Thr Ile Ala Leu Lys Gln Arg Thr
35 40 45

Trp Gln Ala Leu Ala His Glu Tyr Asn Ser Gln Pro Ser Val Ser Leu
50 55 60

Arg Asp Phe Lys Gln Leu Lys Lys Cys Trp Glu Asn Ile Lys Ala Arg
65 70 75 80

Thr Lys Lys Ile Met Ala His Glu Arg Arg Glu Lys Val Lys Arg Ser
85 90 95

Val Ser Pro Leu Leu Ser Thr His Val Leu Gly Lys Glu Lys Ile Ala
100 105 110

Ser Met Leu Pro Glu Gln Leu Tyr Phe Leu Gln Ser Pro Pro Glu Glu
115 120 125

Glu Pro Glu Tyr His Pro Asp Ala Ser Ala Gln Glu Ser Phe Ala Val
130 135 140

Ser Asn Arg Glu Leu Cys Asp Asp Glu Lys Glu Phe Ile His Phe Pro
145 150 155 160

Val Cys Glu Gly Thr Ser Gln Pro Glu Pro Ser Cys Ser Ala Val Arg
165 170 175

Ile Thr Ala Asn Lys Asn Tyr Arg Ser Lys Thr Ser Gln Glu Gly Ala
180 185 190

Leu Lys Lys Met His Glu Glu Glu His His Gln Gln Met Ser Ile Leu
195 200 205

Gln Leu Gln Leu Ile Gln Met Asn Glu Val His Val Ala Lys Ile Gln
210 215 220

Gln Ile Glu Arg Glu Cys Glu Met Ala Glu Glu Glu His Arg Ile Lys
225 230 235 240

Met Glu Val Leu Asn Lys Lys Met Tyr Trp Glu Arg Lys Leu Gln
245 250 255

Thr Phe Thr Lys Glu Trp Pro Val Ser Ser Phe Asn Arg Pro Phe Pro
260 265 270

Asn Ser Pro
275

<210> 55
<211> 1988
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (12)..(1805)
<223>

<400> 55
cctccgggaa g atg gcg gcc gtg cag gcg gcc gag gtg aaa gtg gat ggc 50
Met Ala Ala Val Gln Ala Ala Glu Val Lys Val Asp Gly

1

5

10

agc	gag	ccg	aaa	ctg	agc	aag	aat	gag	ctg	aag	aga	cgc	ctg	aaa	gct	98				
Ser	Glu	Pro	Lys	Leu	Ser	Lys	Asn	Glu	Leu	Lys	Arg	Arg	Leu	Lys	Ala					
15				20						25										
gag	aag	aaa	gt	ta	gca	gag	aag	gag	gcc	aaa	cag	aag	gag	ctc	agt	gag	146			
Glu	Lys	Lys	Val	Ala	Glu	Lys	Glu	Ala	Lys	Gln	Lys	Glu	Leu	Ser	Glu					
30				35						40				45						
aaa	cag	cta	agc	caa	gcc	act	gct	gct	gcc	acc	aac	cac	acc	act	gat	194				
Lys	Gln	Leu	Ser	Gln	Ala	Thr	Ala	Ala	Ala	Thr	Asn	His	Thr	Thr	Asp					
50						55					60									
aat	gg	t	gt	g	gt	c	c	g	g	aa	g	ag	gt	g	cc	aa	tt	ac	ac	242
Asn	Gly	Val	Gly	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Val	Asp	Pro	Asn	Gln	Tyr	Tyr					
65						70					75									
aaa	atc	cgc	agt	caa	gca	att	cat	cag	ctg	aag	gtc	aat	ggg	gaa	gac	290				
Lys	Ile	Arg	Ser	Gln	Ala	Ile	His	Gln	Leu	Lys	Val	Asn	Gly	Glu	Asp					
80						85					90									
cca	ta	cc	ca	ca	aag	tt	cat	gt	ta	ga	atc	tc	ct	ac	ga	tt	ac	atc	atc	338
Pro	Tyr	Pro	His	Lys	Phe	Hi	S	Val	Asp	Ile	Ser	Leu	Thr	Asp	Phe	Ile				
95						100					105									
caa	aa	ta	at	ag	ca	ct	g	ca	cc	gg	ga	at	ct	ac	ga	atc	atc	ac	386	
Gln	Lys	Tyr	Ser	His	Leu	Gln	Pro	Gly	Asp	His	Leu	Thr	Asp	Ile	Thr					
110					115					120					125					
tta	aag	gt	g	ca	gg	gt	agg	atc	cat	gc	aa	aga	gct	tct	ggg	gga	aag	434		
Leu	Lys	Val	Ala	Gly	Arg	Ile	His	Ala	Lys	Arg	Ala	Ser	Gly	Gly	Lys					
130						135					140									
ctc	atc	ttc	ta	ta	ta	ttt	cg	ga	gg	ga	gg	gt	tg	aag	tt	ca	gt	at	482	
Leu	Ile	Phe	Tyr	Asp	Leu	Arg	Gly	Glu	Gly	Val	Lys	Leu	Gln	Val	Met					
145						150					155									
gcc	aa	ta	cc	ag	aa	at	ta	ca	ga	ga	ga	ttt	tt	ca	gt	at	530			
Ala	Asn	Ser	Arg	Asn	Tyr	Lys	Ser	Glu	Glu	Glu	Phe	Ile	His	Ile	Asn					
160						165					170									
aac	aa	ct	cg	cg	gg	ga	ga	ca	tt	ca	tt	ca	gg	aa	at	c	ct	gg	578	
Asn	Lys	Leu	Arg	Arg	Gly	Asp	Ile	Ile	Gly	Val	Gln	Gly	Asn	Pro	Gly					
175						180					185									
aaa	acc	aag	aag	gg	gt	g	ag	ct	ag	atc	at	cc	ta	tg	ga	atc	aca	ct	626	
Lys	Thr	Lys	Lys	Gly	Glu	Leu	Ser	Ile	Ile	Pro	Tyr	Glu	Ile	Thr	Leu					
190						195					200					205				

ctg tct ccc tgt ttg cat atg tta cct cat ctt cac ttt ggc ctc aaa 674
Leu Ser Pro Cys Leu His Met Leu Pro His Leu His Phe Gly Leu Lys
210 215 220

gac aag gaa aca agg tat cgc cag aga tac ttg gac ttg atc ctg aat 722
Asp Lys Glu Thr Arg Tyr Arg Gln Arg Tyr Leu Asp Leu Ile Leu Asn
225 230 235

gac ttt gtg agg cag aaa ttt atc atc cgc tct aag atc atc aca tat 770
Asp Phe Val Arg Gln Lys Phe Ile Ile Arg Ser Lys Ile Ile Thr Tyr
240 245 250

ata aga agt ttc tta gat gag ctg gga ttc cta gag att gaa act ccc 818
Ile Arg Ser Phe Leu Asp Glu Leu Gly Phe Leu Glu Ile Glu Thr Pro
255 260 265

atg atg aac atc atc cca ggg gga gcc gtg gcc aag cct ttc atc act 866
Met Met Asn Ile Ile Pro Gly Gly Ala Val Ala Lys Pro Phe Ile Thr
270 275 280 285

tat cac aac gag ctg gac atg aac tta tat atg aga att gct cca gaa 914
Tyr His Asn Glu Leu Asp Met Asn Leu Tyr Met Arg Ile Ala Pro Glu
290 295 300

ctc tat cat aag atg ctt gtg gtt ggt ggc atc gac cgg gtt tat gaa 962
Leu Tyr His Lys Met Leu Val Val Gly Gly Ile Asp Arg Val Tyr Glu
305 310 315

att gga cgc cag ttc cgg aat gag ggg att gat ttg acg cac aat cct 1010
Ile Gly Arg Gln Phe Arg Asn Glu Gly Ile Asp Leu Thr His Asn Pro
320 325 330

gag ttc acc acc tgt gag ttc tac atg gcc tat gca gac tat cac gat 1058
Glu Phe Thr Thr Cys Glu Phe Tyr Met Ala Tyr Ala Asp Tyr His Asp
335 340 345

ctc atg gaa atc acg gag aag atg gtt tca ggg atg gtg aag cat att 1106
Leu Met Glu Ile Thr Glu Lys Met Val Ser Gly Met Val Lys His Ile
350 355 360 365

aca ggc agt tac aag gtc acc tac cac cca gat ggc cca gag ggc caa 1154
Thr Gly Ser Tyr Lys Val Thr Tyr His Pro Asp Gly Pro Glu Gly Gln
370 375 380

gcc tac gat gtt gac ttc acc cca ccc ttc cgg cga atc aac atg gta 1202
Ala Tyr Asp Val Asp Phe Thr Pro Pro Phe Arg Arg Ile Asn Met Val
385 390 395

gaa gag ctt gag aaa gcc ctg ggg atg aag ctg cca gaa acg aac ctc 1250
Glu Glu Leu Glu Lys Ala Leu Gly Met Lys Leu Pro Glu Thr Asn Leu

4 0 0

4 0 5

4 1 0

t t t g a a a c t g a a g a a a c t c g c a a a a t t c t t g a t g a t a t c t g t g t g g c a		1 2 9 8
Phe Glu Thr Glu Glu Thr Arg Lys Ile Leu Asp Asp Ile Cys Val Ala		
4 1 5	4 2 0	4 2 5
a a a g c t g t t g a a t g c c c t c c a c c t c g g a c c a c a g c c a g g c t c c t t g a c		1 3 4 6
Lys Ala Val Glu Cys Pro Pro Pro Arg Thr Thr Ala Arg Leu Leu Asp		
4 3 0	4 3 5	4 4 0
a a g c t t g t t g g g g a g t t c c t g g a a g t g a c t t g c a t c a a t c c t a c a t t c		1 3 9 4
Lys Leu Val Gly Glu Phe Leu Glu Val Thr Cys Ile Asn Pro Thr Phe		
4 5 0	4 5 5	4 6 0
a t c t g t g a t c a c c c a c a g a t a a t g a g c c c t t t g g c t a a a t g g c a c c g c		1 4 4 2
Ile Cys Asp His Pro Gln Ile Met Ser Pro Leu Ala Lys Trp His Arg		
4 6 5	4 7 0	4 7 5
t c t a a a g a g g g t c t g a c t g a g c g c t t t g a g c t g t t t g t c a t g a a g a a a		1 4 9 0
Ser Lys Glu Gly Leu Thr Glu Arg Phe Glu Leu Phe Val Met Lys Lys		
4 8 0	4 8 5	4 9 0
g a g a t a t g c a a t g c g t a t a c t g a g c t g a a t g a t c c c a t g c g g c a g c g g		1 5 3 8
Gl u Ile Cys Asn Ala Tyr Thr Glu Leu Asn Asp Pro Met Arg Gln Arg		
4 9 5	5 0 0	5 0 5
c a g c t t t t t g a a g a a c a g g c c a a g g c c a a g g c t g g a t g a t g a t g a g		1 5 8 6
Gln Leu Phe Glu Glu Gln Ala Lys Ala Lys Ala Ala Gly Asp Asp Glu		
5 1 0	5 1 5	5 2 0
5 2 5		
g c c a t g t t c a t a g a t g a a a a c t t t c t g a a t a t g g g c t g		1 6 3 4
Ala Met Phe Ile Asp Glu Asn Phe Cys Thr Ala Leu Glu Tyr Gly Leu		
5 3 0	5 3 5	5 4 0
c c c c c a c a g c t g g c t g g g c a t g g g c a t t g a t c g a g t c g c a t g t t t		1 6 8 2
Pro Pro Thr Ala Gly Trp Gly Met Gly Ile Asp Arg Val Ala Met Phe		
5 4 5	5 5 0	5 5 5
c t c a c g g a c t c c a a c a a c a t c a a g g a a g t a c t t c t g t t t c c t g c c a t g		1 7 3 0
Leu Thr Asp Ser Asn Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro Ala Met		
5 6 0	5 6 5	5 7 0
a a a c c c g a a g a a g a a g a a t g t a g c a a c c a c t g a t a c a c t g g a a		1 7 7 8
Lys Pro Glu Asp Lys Lys Glu Asn Val Ala Thr Thr Asp Thr Leu Glu		
5 7 5	5 8 0	5 8 5
a g c a c a a c a g t t g g c a c t t c t g t c t a g a a a a t a a a t a a a t t g c a a g t t g		1 8 2 5
Ser Thr Thr Val Gly Thr Ser Val		
5 9 0	5 9 5	

tataactcag gcgtctttgc atttctgcga aagatcaagg tctgcaaggg aattcttgtg 1885

tgcgtgttttc catttgacac cgcgagttctg ttccagccatc agaagagaga caaggaatta 1945

aaaatttctt tttaatcctg ttaccaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1988

<210> 56

<211> 597

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 56

Met Ala Ala Val Gln Ala Ala Glu Val Lys Val Asp Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Lys Leu Ser Lys Asn Glu Leu Lys Arg Arg Leu Lys Ala Glu Lys Lys
20 25 30

Val Ala Glu Lys Glu Ala Lys Gln Lys Glu Leu Ser Glu Lys Gln Leu
35 40 45

Ser Gln Ala Thr Ala Ala Ala Thr Asn His Thr Thr Asp Asn Gly Val
50 55 60

Gly Pro Glu Glu Glu Ser Val Asp Pro Asn Gln Tyr Tyr Lys Ile Arg
65 70 75 80

Ser Gln Ala Ile His Gln Leu Lys Val Asn Gly Glu Asp Pro Tyr Pro
85 90 95

His Lys Phe His Val Asp Ile Ser Leu Thr Asp Phe Ile Gln Lys Tyr
100 105 110

Ser His Leu Gln Pro Gly Asp His Leu Thr Asp Ile Thr Leu Lys Val
115 120 125

Ala Gly Arg Ile His Ala Lys Arg Ala Ser Gly Gly Lys Leu Ile Phe
130 135 140

Tyr Asp Leu Arg Gly Glu Gly Val Lys Leu Gln Val Met Ala Asn Ser
145 150 155 160

Arg Asn Tyr Lys Ser Glu Glu Glu Phe Ile His Ile Asn Asn Lys Leu
165 170 175

Arg Arg Gly Asp Ile Ile Gly Val Gln Gly Asn Pro Gly Lys Thr Lys
180 185 190

Lys Gly Glu Leu Ser Ile Ile Pro Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Ser Pro
195 200 205

Cys Leu His Met Leu Pro His Leu His Phe Gly Leu Lys Asp Lys Glu
210 215 220

Thr Arg Tyr Arg Gln Arg Tyr Leu Asp Leu Ile Leu Asn Asp Phe Val
225 230 235 240

Arg Gln Lys Phe Ile Ile Arg Ser Lys Ile Ile Thr Tyr Ile Arg Ser
245 250 255

Phe Leu Asp Glu Leu Gly Phe Leu Glu Ile Glu Thr Pro Met Met Asn
260 265 270

Ile Ile Pro Gly Gly Ala Val Ala Lys Pro Phe Ile Thr Tyr His Asn
275 280 285

Glu Leu Asp Met Asn Leu Tyr Met Arg Ile Ala Pro Glu Leu Tyr His
290 295 300

Lys Met Leu Val Val Gly Gly Ile Asp Arg Val Tyr Glu Ile Gly Arg
305 310 315 320

Gln Phe Arg Asn Glu Gly Ile Asp Leu Thr His Asn Pro Glu Phe Thr
325 330 335

Thr Cys Glu Phe Tyr Met Ala Tyr Ala Asp Tyr His Asp Leu Met Glu
340 345 350

Ile Thr Glu Lys Met Val Ser Gly Met Val Lys His Ile Thr Gly Ser
355 360 365

Tyr Lys Val Thr Tyr His Pro Asp Gly Pro Glu Gly Gln Ala Tyr Asp
370 375 380

Val Asp Phe Thr Pro Pro Phe Arg Arg Ile Asn Met Val Glu Glu Leu
385 390 395 400

Glu Lys Ala Leu Gly Met Lys Leu Pro Glu Thr Asn Leu Phe Glu Thr
405 410 415

Glu Glu Thr Arg Lys Ile Leu Asp Asp Ile Cys Val Ala Lys Ala Val
420 425 430

Glu Cys Pro Pro Pro Arg Thr Thr Ala Arg Leu Leu Asp Lys Leu Val
435 440 445

Gly Glu Phe Leu Glu Val Thr Cys Ile Asn Pro Thr Phe Ile Cys Asp
450 455 460

His Pro Gln Ile Met Ser Pro Leu Ala Lys Trp His Arg Ser Lys Glu
465 470 475 480

Gly Leu Thr Glu Arg Phe Glu Leu Phe Val Met Lys Lys Glu Ile Cys
485 490 495

Asn Ala Tyr Thr Glu Leu Asn Asp Pro Met Arg Gln Arg Gln Leu Phe
500 505 510

Glu Glu Gln Ala Lys Ala Lys Ala Ala Gly Asp Asp Glu Ala Met Phe
515 520 525

Ile Asp Glu Asn Phe Cys Thr Ala Leu Glu Tyr Gly Leu Pro Pro Thr
530 535 540

Ala Gly Trp Gly Met Gly Ile Asp Arg Val Ala Met Phe Leu Thr Asp
545 550 555 560

Ser Asn Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro Ala Met Lys Pro Glu
565 570 575

Asp Lys Lys Glu Asn Val Ala Thr Thr Asp Thr Leu Glu Ser Thr Thr
580 585 590

Val Gly Thr Ser Val
595

<210> 57

<211> 763

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 57

ggggctaaac ctagccccaa acccactcca ccttactacc agacaacctt agccaaacca 60

ttaacccaaa taaagtatacg gcgatagaaa ttgaaacctg gcgcaataga tatagtaccg 120

caagggaaag ataaaaatt ataaccaagc ataatatagc aaggactaac ccctatacct 180

tctgcataat gaatttaacta gaaataactt tgcaaggaga gccaaagcta agacccccga 240

aaccagacga gctacctaag aacagctaaa agagcacacc cgtctatgta gcaaatagt 300

ggaaagattt ataggtagag gcgacaaacc taccgagcct ggtgatagct ggttgtccaa 360

gatagaatct tagttcaact ttaaatttgc ccacagaacc ctctaaatcc ctttgtaaat 420

ttaactgtta gtccaaagag gaacagctct ttggacacta ggaaaaaacc ttgttagagag 480

agtaaaaaat ttaacaccca tagtaggcct aaaagcagcc accaattaag aaagcggtca 540

agctcaacac ccactaccta aaaaatccc aacatataac tgaactcctc acacccaatt 600

ggaccaatct atcaccctat agaagaacta atgttagtat aagtaacatg aaaacattct 660

cctccgcata agcctgcgtc agattaaaac actgaactga caattAACAG CCCAATATCT 720

acaatcaacc cacaagtcat tattaccctc actgtcaacc caa 763

<210> 58

<211> 1575

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (196)..(834)

<223>

<400> 58

ctcttccgg ctccagctcc gcccgcagct ccagcctttg ctccccctcc caaagtcccc 60

tccccggagc ggagcgacc tagggtcct cttccgtccc cccagccag ctacccgttc 120

agaccagcag cctcgggggg caccccccgg ccagcctgcc tcacctccgc tcagccctgc 180

cagggttccc cagcc atg aat ctc ttc cga ttc ctg gga gac ctc tcc cac 231

Met Asn Leu Phe Arg Phe Leu Gly Asp Leu Ser His

1 5 10

ctc ctc gcc atc atc ttg cta ctg ctc aaa atc tgg aag tcc cgc tcg 279

Leu Leu Ala Ile Ile Leu Leu Leu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Ser

15 20 25

tgc gcc gga att tca ggg aag agc cag gtc ctg ttt gct gtg gtg ttc 327

Cys Ala Gly Ile Ser Gly Lys Ser Gln Val Leu Phe Ala Val Val Phe

30 35 40

act gcc cga tat ctg gac ctc ttc acc aac tac atc tca ctc tac aac 375

Thr Ala Arg Tyr Leu Asp Leu Phe Thr Asn Tyr Ile Ser Leu Tyr Asn

45 50 55 60

acg tgt atg aag gtg gtc tac ata gcc tgc tcc ttc acc acg gtc tgg 423

Thr Cys Met Lys Val Val Tyr Ile Ala Cys Ser Phe Thr Thr Val Trp

65 70 75

ttg att tat agc aag ttc aaa gct act tac gat ggg aac cat gac acg 471

Leu Ile Tyr Ser Lys Phe Lys Ala Thr Tyr Asp Gly Asn His Asp Thr

80 85 90

ttc aga gtg gag ttc ctg gtc gtt ccc aca gcc att ctg gcg ttc ctg 519

Phe Arg Val Glu Phe Leu Val Val Pro Thr Ala Ile Leu Ala Phe Leu

95 100 105

gtc aat cat gac ttc acc cct ctg gag atc ctc tgg acc ttc tcc atc 567

Val Asn His Asp Phe Thr Pro Leu Glu Ile Leu Trp Thr Phe Ser Ile

110 115 120

tac ctg gag tca gtg gcc atc ttg ccg cag ctg ttc atg gtg agc aag 615

Tyr Leu Glu Ser Val Ala Ile Leu Pro Gln Leu Phe Met Val Ser Lys

125

130

135

140

acc ggc gag gcg gag acc atc acc agc cac tac ttg ttt gcg cta ggc	663	
Thr Gly Glu Ala Glu Thr Ile Thr Ser His Tyr Leu Phe Ala Leu Gly		
145	150	155
gtt tac cgc acg ctc tat ctc ttc aac tgg atc tgg cgc tac cat ttc	711	
Val Tyr Arg Thr Leu Tyr Leu Phe Asn Trp Ile Trp Arg Tyr His Phe		
160	165	170
gag ggc ttc ttc gac ctc atc gcc att gtg gca ggc ctg gtc cag aca	759	
Gl u Gly Phe Phe Asp Leu Ile Ala Ile Val Ala Gly Leu Val Gln Thr		
175	180	185
gtc ctc tac tgc gat ttc ttc tac ctc tat atc acc aaa gtc cta aag	807	
Val Leu Tyr Cys Asp Phe Phe Tyr Leu Tyr Ile Thr Lys Val Leu Lys		
190	195	200
ggg aag aag ttg agt ttg ccg gca tag ccccggtcct ctccatctct	854	
Gly Lys Lys Leu Ser Leu Pro Ala		
205	210	
ctcctcgga a gcagcgggag gcagaggaag gcggcagaag atgaagagct ttcccattcca	914	
gggttgactt tttaagaac ccacctttg tgctccccat cccgcctcct gcccggtttc	974	
agggggacag tggaggatcc aggtcttggg gagctcagga ctgggctgt ttgttagttt	1034	
tgcctttta gacaagaaaa aaaaatcttt ccactcttta gttttgatt ctgatgactc	1094	
tttttcttc tactctgtgg ccccaatttt tataaagtgt ttttagtgt cctatggcc	1154	
ggggcagggc ccaagatctt ttcccttccc caggccctc ggctccctcc cagatcccc	1214	
ccccagcccc actggttgcc aaacactaaa tctgccgaca cccatctgcc ccacctcctg	1274	
ccatggccat gaaccgcgac ccccactaaa tttctagatt gggataggg agaaagggag	1334	
gcccgaggaa gtcctccctg atttttttc atagtaattt tttccctcag agttgaatt	1394	
ttttgggttt ctctgggtt ttggcaa atggggggcc cggggctcaa gtgcgggaag	1454	
gggctggcc cgaggatccc atggctctca caccatgtt ttgtacagaa ctgatggttg	1514	
aatctttgtt ctcttggaaat aaacagaaga aatgaaacc ttaaaaaaaaaaaaaaa	1574	
a		1575

<211> 212

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

Met Asn Leu Phe Arg Phe Leu Gly Asp Leu Ser His Leu Leu Ala Ile
1 5 10 15

Ile Leu Leu Leu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Ser Cys Ala Gly Ile
20 25 30

Ser Gly Lys Ser Gln Val Leu Phe Ala Val Val Phe Thr Ala Arg Tyr
35 40 45

Leu Asp Leu Phe Thr Asn Tyr Ile Ser Leu Tyr Asn Thr Cys Met Lys
50 55 60

Val Val Tyr Ile Ala Cys Ser Phe Thr Thr Val Trp Leu Ile Tyr Ser
65 70 75 80

Lys Phe Lys Ala Thr Tyr Asp Gly Asn His Asp Thr Phe Arg Val Glu
85 90 95

Phe Leu Val Val Pro Thr Ala Ile Leu Ala Phe Leu Val Asn His Asp
100 105 110

Phe Thr Pro Leu Glu Ile Leu Trp Thr Phe Ser Ile Tyr Leu Glu Ser
115 120 125

Val Ala Ile Leu Pro Gln Leu Phe Met Val Ser Lys Thr Gly Glu Ala
130 135 140

Glu Thr Ile Thr Ser His Tyr Leu Phe Ala Leu Gly Val Tyr Arg Thr
145 150 155 160

Leu Tyr Leu Phe Asn Trp Ile Trp Arg Tyr His Phe Glu Gly Phe Phe
165 170 175

Asp Leu Ile Ala Ile Val Ala Gly Leu Val Gln Thr Val Leu Tyr Cys
180 185 190

Asp Phe Phe Tyr Leu Tyr Ile Thr Lys Val Leu Lys Gly Lys Lys Leu
195 200 205

Ser Leu Pro Ala
210

<210> 60
<211> 2245
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (157)..(1110)
<223>

<400> 60
gaatctcgac ccttgaatgg agttacacga acggccagat gaaagaaggaa aggccccggac 60

ctccactcag ggccgactag gggactggcg gagggtgtcac gctgatggat ttactcaccc 120
ggtgcttggaa gctccagcag ctggctggag cccgcg atg acg tca cgg act cgg 174
Met Thr Ser Arg Thr Arg
1 5

gtc aca tgg ccg agt ccg ccc cgc ccc ctc ccc gtc ccc gcc gct gca 222
Val Thr Trp Pro Ser Pro Pro Arg Pro Leu Pro Val Pro Ala Ala Ala
10 15 20

gcc gtc gcc ttc gga gcg aag ggt acc gac ccg gca gaa gct cgg agc 270
Ala Val Ala Phe Gly Ala Lys Gly Thr Asp Pro Ala Glu Ala Arg Ser
25 30 35

tct cgg ggt atc gag gag gca ggc ccg cgg gcg cac ggg cga gcg ggc 318
Ser Arg Gly Ile Glu Glu Ala Gly Pro Arg Ala His Gly Arg Ala Gly
40 45 50

cgg gag ccg gag cgg cgg agg agc cgg cag cag cgg cgc ggc ggg ctc 366
Arg Glu Pro Glu Arg Arg Ser Arg Gln Gln Arg Arg Gly Gly Leu
55 60 65 70

cag gcg agg cgg tcg acg ctc ctg aaa act tgc gcg cgc gct cgc gcc 414
Gln Ala Arg Arg Ser Thr Leu Leu Lys Thr Cys Ala Arg Ala Arg Ala
75 80 85

act	gcg	ccc	gga	gcg	atg	aag	atg	gtc	gcg	ccc	tgg	acg	cgg	ttc	ta	462
Thr	Ala	Pro	Gly	Ala	Met	Lys	Met	Val	Ala	Pro	Trp	Thr	Arg	Phe	Tyr	
																90
																95
																100
tcc	aac	agc	tgc	tgc	ttg	tgc	tgc	cat	gtc	cgc	acc	ggc	acc	atc	ctg	510
Ser	Asn	Ser	Cys	Cys	Leu	Cys	Cys	His	Val	Arg	Thr	Gly	Thr	Ile	Leu	
																105
																110
																115
ctc	ggc	gtc	tgg	tat	ctg	atc	atc	aat	gct	gtg	gta	ctg	ttg	att	tta	558
Leu	Gly	Val	Trp	Tyr	Leu	Ile	Ile	Asn	Ala	Val	Val	Leu	Leu	Ile	Leu	
																120
																125
																130
ttg	agt	gcc	ctg	gct	gat	ccg	gat	cag	tat	aac	ttt	tca	agt	tct	gaa	606
Leu	Ser	Ala	Leu	Ala	Asp	Pro	Asp	Gln	Tyr	Asn	Phe	Ser	Ser	Ser	Glu	
																135
																140
																145
																150
ctg	gga	ggt	gac	ttt	gag	ttc	atg	gat	gat	gcc	aac	atg	tgc	att	gcc	654
Leu	Gly	Gly	Asp	Phe	Glu	Phe	Met	Asp	Asp	Ala	Asn	Met	Cys	Ile	Ala	
																155
																160
																165
att	gcg	att	tct	ctt	ctc	atg	atc	ctg	ata	tgt	gct	atg	gct	act	ta	702
Ile	Ala	Ile	Ser	Leu	Leu	Met	Ile	Leu	Ile	Cys	Ala	Met	Ala	Thr	Tyr	
																170
																175
																180
gga	gcg	tac	aag	caa	cgc	gca	gcc	tgg	atc	atc	cca	ttc	ttc	tgt	tac	750
Gly	Ala	Tyr	Lys	Gln	Arg	Ala	Ala	Trp	Ile	Ile	Pro	Phe	Phe	Cys	Tyr	
																185
																190
																195
cag	atc	ttt	gac	ttt	gcc	ctg	aac	atg	ttg	gtt	gca	atc	act	gtg	ctt	798
Gln	Ile	Phe	Asp	Phe	Ala	Leu	Asn	Met	Leu	Val	Ala	Ile	Thr	Val	Leu	
																200
																205
																210
att	tat	cca	aac	tcc	att	cag	gaa	tac	ata	cgg	caa	ctg	cct	cct	aat	846
Ile	Tyr	Pro	Asn	Ser	Ile	Gln	Glu	Tyr	Ile	Arg	Gln	Leu	Pro	Pro	Asn	
																215
																220
																225
																230
ttt	ccc	tac	aga	gat	gtc	atg	tca	gtg	aat	cct	acc	tgt	ttg	gtc		894
Phe	Pro	Tyr	Arg	Asp	Asp	Val	Met	Ser	Val	Asn	Pro	Thr	Cys	Leu	Val	
																235
																240
																245
ctt	att	att	ctt	ctg	ttt	att	agc	att	atc	ttg	act	ttt	aag	gg	tac	942
Leu	Ile	Ile	Leu	Leu	Phe	Ile	Ser	Ile	Ile	Leu	Thr	Phe	Lys	Gly	Tyr	
																250
																255
																260
ttg	att	agc	tgt	gtt	tgg	aac	tgc	tac	cga	tac	atc	aat	ggt	agg	aac	990
Leu	Ile	Ser	Cys	Val	Trp	Asn	Cys	Tyr	Arg	Tyr	Ile	Asn	Gly	Arg	Asn	
																265
																270
																275
tcc	tct	gat	gtc	ctg	gtt	tat	gtt	acc	acc	aat	gac	act	acg	gtg	ctg	1038

Ser Ser Asp Val Leu Val Tyr Val Thr Ser Asn Asp Thr Thr Val Leu
280 285 290

ctt ccc ccg tat gat gat gcc act gtg aat ggt gct gcc aag gag cca 1086
Leu Pro Pro Tyr Asp Asp Ala Thr Val Asn Gly Ala Ala Lys Glu Pro
295 300 305 310

ccg cca cct tac gtg tct gcc taa gccttcaagt gggcggagct gagggcagca 1140
Pro Pro Pro Tyr Val Ser Ala
315

gccttgacttt gcagacatct gagcaatagt tctgttattt cactttgcc atgagcctct 1200

ctgagcttgt ttgttgctga aatgctactt tttaaaattt agatgttaga ttgaaaactg 1260

tagtttcaa catatgctt gctggaacac tgtgatagat taactgttaga attcttcctg 1320

tacgattggg gatataatgg gcttcactaa ccttccctag gcattgaaac ttcccccaaa 1380

tctgatggac ctagaagtct gctttgtac ctgctgggcc ccaaagttgg gcattttct 1440

ctctgttccc tctcttttga aaatgtaaaa taaaacccaaa aatagacaac ttttcttca 1500

gccattccag catagagaac aaaaccttat ggaaacagga atgtcaattt tgtaatcatt 1560

gttctaattt ggtttataga agtcctttagt tatgtgttac aagaatttcc cccacaacat 1620

cctttatgac tgaagttcaa tgacagttt tttttgggtgg taaaggattt tctccatggc 1680

ctgaatTAAG accatttagaa agcacccaggc cgtgggagca gtgaccatct gctgactgtt 1740

cttgtggatc ttgtgtccag ggacatgggg tgacatgcct cgtatgtttt agaggggtgg 1800

atggatgtgt ttggcgctgc atggatctg gtgccttct tctcctggat tcacatcccc 1860

acccagggcc cgctttact aagtgttctg cccttagattt gttcaaggag gtcatccaac 1920

tgactttatc gagtggattt gggatataatt tgatataactt ctgcctaaca acatggaaaa 1980

gggtttctt ttccctgcaa gctacatct actgctttga acttccaaat atgtctagtc 2040

acctttaaa atgtttttttt tttcagaaaa atgaggattt ccttccttgt atgcgtttt 2100

taccttgact acctgaattt caaggattt ttatataattt atatgttaca aagtcaagca 2160

ctctcctgtt ggttcattat tgaatgtgct gtaaattttag ttgtttgcaa ttaaaacaag 2220

gtttggccac aaaaaaaaaaaa aaaaa 2245

<210> 61
<211> 317
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 61

Met Thr Ser Arg Thr Arg Val Thr Trp Pro Ser Pro Pro Arg Pro Leu
1 5 10 15

Pro Val Pro Ala Ala Ala Ala Val Ala Phe Gly Ala Lys Gly Thr Asp
20 25 30

Pro Ala Glu Ala Arg Ser Ser Arg Gly Ile Glu Glu Ala Gly Pro Arg
35 40 45

Ala His Gly Arg Ala Gly Arg Glu Pro Glu Arg Arg Arg Ser Arg Gln
50 55 60

Gln Arg Arg Gly Gly Leu Gln Ala Arg Arg Ser Thr Leu Leu Lys Thr
65 70 75 80

Cys Ala Arg Ala Arg Ala Thr Ala Pro Gly Ala Met Lys Met Val Ala
85 90 95

Pro Trp Thr Arg Phe Tyr Ser Asn Ser Cys Cys Leu Cys Cys His Val
100 105 110

Arg Thr Gly Thr Ile Leu Leu Gly Val Trp Tyr Leu Ile Ile Asn Ala
115 120 125

Val Val Leu Leu Ile Leu Leu Ser Ala Leu Ala Asp Pro Asp Gln Tyr
130 135 140

Asn Phe Ser Ser Ser Glu Leu Gly Gly Asp Phe Glu Phe Met Asp Asp
145 150 155 160

Ala Asn Met Cys Ile Ala Ile Ala Ile Ser Leu Leu Met Ile Leu Ile
165 170 175

Cys Ala Met Ala Thr Tyr Gly Ala Tyr Lys Gln Arg Ala Ala Trp Ile
180 185 190

Ile Pro Phe Phe Cys Tyr Gln Ile Phe Asp Phe Ala Leu Asn Met Leu
195 200 205

Val Ala Ile Thr Val Leu Ile Tyr Pro Asn Ser Ile Gln Glu Tyr Ile
210 215 220

Arg Gln Leu Pro Pro Asn Phe Pro Tyr Arg Asp Asp Val Met Ser Val
225 230 235 240

Asn Pro Thr Cys Leu Val Leu Ile Ile Leu Leu Phe Ile Ser Ile Ile
245 250 255

Leu Thr Phe Lys Gly Tyr Leu Ile Ser Cys Val Trp Asn Cys Tyr Arg
260 265 270

Tyr Ile Asn Gly Arg Asn Ser Ser Asp Val Leu Val Tyr Val Thr Ser
275 280 285

Asn Asp Thr Thr Val Leu Leu Pro Pro Tyr Asp Asp Ala Thr Val Asn
290 295 300

Gly Ala Ala Lys Glu Pro Pro Pro Tyr Val Ser Ala
305 310 315

<210> 62

<211> 1453

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (65)..(1057)

<223>

<400> 62

ggctgcccggaa gggcgggagg caggagcggg ccaggagctg ctgggttggaa gcggcgccgc 60

cgc	atg	tcc	gac	agc	gag	aag	ctc	aac	ctg	gac	tcg	atc	atc	ggg	cgc	109
Met	Ser	Asp	Ser	Glu	Lys	Leu	Asn	Leu	Asp	Ser	Ile	Ile	Gly	Arg		
1		5							10					15		
ctg	ctg	gaa	gtg	cag	ggc	tcg	cgg	cct	ggc	aag	aat	gtt	cag	ctg	aca	157
Leu	Leu	Glu	Val	Gln	Gly	Ser	Arg	Pro	Gly	Lys	Asn	Val	Gln	Leu	Thr	
									25					30		
gag	aac	gag	atc	cgc	ggt	ctg	tgc	ctg	aaa	tcc	cgg	gag	att	ttt	ctg	205
Glu	Asn	Glu	Ile	Arg	Gly	Leu	Cys	Leu	Lys	Ser	Arg	Glu	Ile	Phe	Leu	
									40					45		
agc	cag	ccc	att	ctt	ctg	gag	ctg	gag	gca	ccc	ctc	aag	atc	tgc	ggt	253
Ser	Gln	Pro	Ile	Leu	Leu	Glu	Leu	Glu	Ala	Pro	Leu	Lys	Ile	Cys	Gly	
									55					60		
gac	ata	cac	ggc	cag	tac	taa	gac	ctt	ctg	cga	cta	ttt	gag	tat	ggc	301
Asp	Ile	His	Gly	Gln	Tyr	Tyr	Asp	Leu	Leu	Arg	Leu	Phe	Glu	Tyr	Gly	
									70					75		
ggt	ttc	cct	ccc	gag	agc	aac	taa	ctc	ttt	ctg	ggg	gac	tat	tgc	gac	349
Gly	Phe	Pro	Pro	Glu	Ser	Asn	Tyr	Leu	Phe	Leu	Gly	Asp	Tyr	Val	Asp	
									85					95		
agg	ggc	aag	cag	tcc	ttg	gag	acc	atc	tgc	ctg	ctg	gcc	tat	aag	397	
Arg	Gly	Lys	Gln	Ser	Leu	Glu	Thr	Ile	Cys	Leu	Leu	Leu	Ala	Tyr	Lys	
									100					110		
atc	aag	taa	ccc	gag	aac	ttc	ttc	ctg	ctc	cgt	ggg	aac	cac	gag	tgt	445
Ile	Lys	Tyr	Pro	Glu	Asn	Phe	Phe	Leu	Leu	Arg	Gly	Asn	His	Glu	Cys	
									115					125		
gcc	age	atc	aac	cgc	atc	tat	ggt	ttc	taa	gat	gag	tgc	aag	aga	cgc	493
Ala	Ser	Ile	Asn	Arg	Ile	Tyr	Gly	Phe	Tyr	Asp	Glu	Cys	Lys	Arg	Arg	
									130					140		
tac	aac	atc	aaa	ctg	tgg	aaa	acc	ttc	act	gac	tgc	ttc	aac	tgc	ctg	541
Tyr	Asn	Ile	Lys	Leu	Trp	Lys	Thr	Phe	Thr	Asp	Cys	Phe	Asn	Cys	Leu	
									145					155		
ccc	atc	gcg	gcc	ata	gtg	gac	gaa	aag	atc	ttc	tgc	tgc	cac	gga	ggc	589
Pro	Ile	Ala	Ala	Ile	Val	Asp	Glu	Lys	Ile	Phe	Cys	Cys	His	Gly	Gly	
									160					175		
ctg	tcc	ccg	gac	ctg	cag	tct	atg	gag	cag	att	cgg	cgg	atc	atg	cgg	637
Leu	Ser	Pro	Asp	Leu	Gln	Ser	Met	Glu	Gln	Ile	Arg	Arg	Ile	Met	Arg	
									180					190		
ccc	aca	gat	gtg	cct	gac	cag	ggc	ctg	ctg	tgt	gac	ctg	ctg	tgg	tct	685
Pro	Thr	Asp	Val	Pro	Asp	Gln	Gly	Leu	Leu	Cys	Asp	Leu	Leu	Trp	Ser	

195

200

205

gac	cct	gac	aag	gac	gtg	cag	ggc	tgg	ggc	gag	aac	gac	cgt	ggc	gtc	733
Asp	Pro	Asp	Lys	Asp	Val	Gln	Gly	Trp	Gly	Glu	Asn	Asp	Arg	Gly	Val	
210					215							220				
tct	ttt	acc	ttt	gga	gcc	gag	gtg	gtg	gcc	aag	ttc	ctc	cac	aag	cac	781
Ser	Phe	Thr	Phe	Gly	Ala	Glu	Val	Val	Ala	Lys	Phe	Leu	His	Lys	His	
225					230					235						
gac	ttg	gac	ctc	atc	tgc	cga	gca	cac	cag	gtg	gta	gaa	gac	ggc	tac	829
Asp	Leu	Asp	Leu	Ile	Cys	Arg	Ala	His	Gln	Val	Val	Glu	Asp	Gly	Tyr	
240					245					250			255			
gag	tto	ttt	gcc	aag	cgg	cag	ctg	gtg	aca	ctt	ttc	tca	gct	ccc	aac	877
Glu	Phe	Phe	Ala	Lys	Arg	Gln	Leu	Val	Thr	Leu	Phe	Ser	Ala	Pro	Asn	
260					265					270						
tac	tgt	ggc	gag	ttt	gac	aat	gct	ggc	gcc	atg	atg	agt	gtg	gac	gag	925
Tyr	Cys	Gly	Glu	Phe	Asp	Asn	Ala	Gly	Ala	Met	Met	Ser	Val	Asp	Glu	
275					280					285						
acc	ctc	atg	tgc	tct	ttc	cag	atc	ctc	aag	ccc	gcc	gac	aag	aac	aag	973
Thr	Leu	Met	Cys	Ser	Phe	Gln	Ile	Leu	Lys	Pro	Ala	Asp	Lys	Asn	Lys	
290					295					300						
ggg	aag	tac	ggg	cag	ttc	agt	ggc	ctg	aac	cct	gga	ggc	cga	ccc	atc	1021
Gly	Lys	Tyr	Gly	Gln	Phe	Ser	Gly	Leu	Asn	Pro	Gly	Gly	Arg	Pro	Ile	
305					310					315						
acc	cca	ccc	cgc	aat	tcc	gcc	aaa	gcc	aag	aaa	tag	ccccccgcaca				1067
Thr	Pro	Pro	Arg	Asn	Ser	Ala	Lys	Ala	Lys	Lys						
320					325					330						
ccaccctgtg	ccccagatga	tggattgatt	gtacagaaaat	catgctgcc	tgctgggggg											1127
gggtcaccc	gaccctcag	gcccacctgt	cacggggAAC	atggagcTTT	ggtgtatTTT											1187
tcttttcttt	tttaatgaa	tcaatagcag	cgtccagTC	cccaggGCTG	cttcctgcct											1247
gcacctgccc	tgactgtgag	caggatcctg	ggggccgaggc	tgcagctcag	ggcaacggca											1307
gccaggtcg	tgggtctcca	gccgtgttgc	gcctcaggGC	tggcagccgg	atccctggggc											1367
aacccatctg	gtctttgaa	taaaggtaa	agctggattc	tcaaaaaaaa	aaaaaaaaaa											1427
aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaa														1453

<211> 330

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Met Ser Asp Ser Glu Lys Leu Asn Leu Asp Ser Ile Ile Gly Arg Leu
1 5 10 15

Leu Glu Val Gln Gly Ser Arg Pro Gly Lys Asn Val Gln Leu Thr Glu
20 25 30

Asn Glu Ile Arg Gly Leu Cys Leu Lys Ser Arg Glu Ile Phe Leu Ser
35 40 45

Gln Pro Ile Leu Leu Glu Leu Glu Ala Pro Leu Lys Ile Cys Gly Asp
50 55 60

Ile His Gly Gln Tyr Tyr Asp Leu Leu Arg Leu Phe Glu Tyr Gly Gly
65 70 75 80

Phe Pro Pro Glu Ser Asn Tyr Leu Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp Arg
85 90 95

Gly Lys Gln Ser Leu Glu Thr Ile Cys Leu Leu Leu Ala Tyr Lys Ile
100 105 110

Lys Tyr Pro Glu Asn Phe Phe Leu Leu Arg Gly Asn His Glu Cys Ala
115 120 125

Ser Ile Asn Arg Ile Tyr Gly Phe Tyr Asp Glu Cys Lys Arg Arg Tyr
130 135 140

Asn Ile Lys Leu Trp Lys Thr Phe Thr Asp Cys Phe Asn Cys Leu Pro
145 150 155 160

Ile Ala Ala Ile Val Asp Glu Lys Ile Phe Cys Cys His Gly Gly Leu
165 170 175

Ser Pro Asp Leu Gln Ser Met Glu Gln Ile Arg Arg Ile Met Arg Pro
180 185 190

Thr Asp Val Pro Asp Gln Gly Leu Leu Cys Asp Leu Leu Trp Ser Asp
195 200 205

Pro Asp Lys Asp Val Gln Gly Trp Gly Glu Asn Asp Arg Gly Val Ser
210 215 220

Phe Thr Phe Gly Ala Glu Val Val Ala Lys Phe Leu His Lys His Asp
225 230 235 240

Leu Asp Leu Ile Cys Arg Ala His Gln Val Val Glu Asp Gly Tyr Glu
245 250 255

Phe Phe Ala Lys Arg Gln Leu Val Thr Leu Phe Ser Ala Pro Asn Tyr
260 265 270

Cys Gly Glu Phe Asp Asn Ala Gly Ala Met Met Ser Val Asp Glu Thr
275 280 285

Leu Met Cys Ser Phe Gln Ile Leu Lys Pro Ala Asp Lys Asn Lys Gly
290 295 300

Lys Tyr Gly Gln Phe Ser Gly Leu Asn Pro Gly Gly Arg Pro Ile Thr
305 310 315 320

Pro Pro Arg Asn Ser Ala Lys Ala Lys Lys
325 330

<210> 64

<211> 1591

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (44)..(814)

<223>

Leu Ala Leu Arg Gly Leu Phe Ile Ile Asp Pro Asn Gly Val Ile Lys
185 190 195

cat ttg agc gtc aac gat ctc cca gtg ggc cga agc gtg gaa gaa acc 679
His Leu Ser Val Asn Asp Leu Pro Val Gly Arg Ser Val Glu Glu Thr
200 205 210

ctc cgc ttg gts aag gcg ttc cag tat gta gaa aca cat gga gaa gtc 727
Leu Arg Leu Val Lys Ala Phe Gln Tyr Val Glu Thr His Gly Glu Val
215 220 225

tgc cca gcg aac tgg aca ccg gat tct cct acg atc aag cca agt cca 775
Cys Pro Ala Asn Trp Thr Pro Asp Ser Pro Thr Ile Lys Pro Ser Pro
230 235 240

gct gct tcc aaa gag tac ttt cag aag gta aat cag tag atcaccatg 824
Ala Ala Ser Lys Glu Tyr Phe Gln Lys Val Asn Gln
245 250 255

tgtatctgca ccttctcaac tgagagaaga accacagttg aaacctgctt ttatcatttt 884

caagatggtt atttgttagaa ggcaaggaac caattatgct tgtattcata agtattactc 944

taaatgtttt gttttgtaa ttctggctaa gacctttaa acatggtag ttgctagtag 1004

aaggaatcct ttattggtaa catcttggtg gctggctagc tagttctac agaacataat 1064

ttgcctctat agaaggctat tcttagatca tgtctcaatg gaaacactct tctttcttag 1124

ccttacttga atcttgccta taataaagta gagcaacaca cattgaaagc ttctgatcaa 1184

cggtcctgaa atttcatct tgaatgtctt tgtattaaac tgaattttct ttaagctaa 1244

caaagatcat aattttcaat gattagccgt gtaactcctg caatgaatgt ttatgtgatt 1304

gaagcaaatg tgaatcgat tattttaaaa agtggcagag tgacttaact gatcatgcat 1364

gatccctcat ccctgaaatt gagtttatgt agtcatttta ctatatttct tcattagcta 1424

actttgcata tgtatatttc tagatattga tttagtgtat cgattataa ggatattat 1484

caaatccagg gattgcattt tgaattata attatttct ttgctgaagt attcattgt 1544

aaacatacaa aataaacata tttaaaaca tttgcatttt accacca 1591

<210> 65

<211> 256

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 65

Met Ala Ala Ala Val Gly Arg Leu Leu Arg Ala Ser Val Ala Arg His
1 5 10 15

Val Ser Ala Ile Pro Trp Gly Ile Ser Ala Thr Ala Ala Leu Arg Pro
20 25 30

Ala Ala Cys Gly Arg Thr Ser Leu Thr Asn Leu Leu Cys Ser Gly Ser
35 40 45

Ser Gln Ala Lys Leu Phe Ser Thr Ser Ser Ser Cys His Ala Pro Ala
50 55 60

Val Thr Gln His Ala Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Ala Val Val Asn Gly
65 70 75 80

Glu Phe Lys Asp Leu Ser Leu Asp Asp Phe Lys Gly Lys Tyr Leu Val
85 90 95

Leu Phe Phe Tyr Pro Leu Asp Phe Thr Phe Val Cys Pro Thr Glu Ile
100 105 110

Val Ala Phe Ser Asp Lys Ala Asn Glu Phe His Asp Val Asn Cys Glu
115 120 125

Val Val Ala Val Ser Val Asp Ser His Phe Ser His Leu Ala Trp Ile
130 135 140

Asn Thr Pro Arg Lys Asn Gly Gly Leu Gly His Met Asn Ile Ala Leu
145 150 155 160

Leu Ser Asp Leu Thr Lys Gln Ile Ser Arg Asp Tyr Gly Val Leu Leu
165 170 175

Glu Gly Ser Gly Leu Ala Leu Arg Gly Leu Phe Ile Ile Asp Pro Asn
180 185 190

Gly Val Ile Lys His Leu Ser Val Asn Asp Leu Pro Val Gly Arg Ser
195 200 205

Val Glu Glu Thr Leu Arg Leu Val Lys Ala Phe Gln Tyr Val Glu Thr
210 215 220

His Gly Glu Val Cys Pro Ala Asn Trp Thr Pro Asp Ser Pro Thr Ile
225 230 235 240

Lys Pro Ser Pro Ala Ala Ser Lys Glu Tyr Phe Gln Lys Val Asn Gln
245 250 255

<210> 66

<211> 1224

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(1041)

<223>

<400> 66

gccccattgtt tttgtaatct ctgaggagaa gcagcagcaa acatttgcta gtcagacaag 60

tgcacaggga atg gat tcc aaa cac cag tgt gta aag cta aat gat ggc cac 111
Met Asp Ser Lys His Gln Cys Val Lys Leu Asn Asp Gly His
1 5 10

tcc atg cct gta ttg gga ttt ggc acc tat gca cct cca gag gtt ccg 159
Phe Met Pro Val Leu Gly Phe Gly Thr Tyr Ala Pro Pro Glu Val Pro
15 20 25 30

aga agt aaa gct ttg gag gtc aca aaa tta gca ata gaa gct ggg ttc 207
Arg Ser Lys Ala Leu Glu Val Thr Lys Leu Ala Ile Glu Ala Gly Phe
35 40 45

cgc cat ata gat tct gct cat tta tac aat aat gag gag cag gtt gga 255
Arg His Ile Asp Ser Ala His Leu Tyr Asn Asn Glu Glu Gln Val Gly
50 55 60

ctg gcc atc cga agc aag att gca gat ggc agt gtg aag aga gaa gac 303
Leu Ala Ile Arg Ser Lys Ile Ala Asp Gly Ser Val Lys Arg Glu Asp
65 70 75

ata ttc tac act tca aag ctt tgg tcc act ttt cat cga cca gag ttg	351
Ile Phe Tyr Thr Ser Lys Leu Trp Ser Thr Phe His Arg Pro Glu Leu	
80 85 90	
gtc cga cca gcc ttg gaa aac tca ctg aag aaa gct caa ttg gac tat	399
Val Arg Pro Ala Leu Glu Asn Ser Leu Lys Lys Ala Gln Leu Asp Tyr	
95 100 105 110	
gtt gac ctc tat ctt att cat tct cca atg tct cta aag cca ggt gag	447
Val Asp Leu Tyr Leu Ile His Ser Pro Met Ser Leu Lys Pro Gly Glu	
115 120 125	
gaa ctt tca cca aca gat gaa aat gga aaa gta ata ttt gac ata gtg	495
Glu Leu Ser Pro Thr Asp Glu Asn Gly Lys Val Ile Phe Asp Ile Val	
130 135 140	
gat ctc tgt acc acc tgg gag gcc atg gag aag tgt aag gat gca gga	543
Asp Leu Cys Thr Thr Trp Glu Ala Met Glu Lys Cys Lys Asp Ala Gly	
145 150 155	
ttg gcc aag tcc att ggg gtg tca aac ttc aac cgc agg cag ctg gag	591
Leu Ala Lys Ser Ile Gly Val Ser Asn Phe Asn Arg Arg Gln Leu Glu	
160 165 170	
atg atc ctc aac aag cca gga ctc aag tac aag cct gtc tgc aac cag	639
Met Ile Leu Asn Lys Pro Gly Leu Lys Tyr Lys Pro Val Cys Asn Gln	
175 180 185 190	
gta gaa tgt cat ccg tat ttc aac cgg agt aaa ttg cta gat ttc tgc	687
Val Glu Cys His Pro Tyr Phe Asn Arg Ser Lys Leu Leu Asp Phe Cys	
195 200 205	
aag tcg aaa gat att gtt ctg gtt gcc tat agt gct ctg gga tct caa	735
Lys Ser Lys Asp Ile Val Leu Val Ala Tyr Ser Ala Leu Gly Ser Gln	
210 215 220	
cga gac aaa cga tgg gtg gac ccg aac tcc ccg gtg ctc ttg gag gac	783
Arg Asp Lys Arg Trp Val Asp Pro Asn Ser Pro Val Leu Leu Glu Asp	
225 230 235	
cca gtc ctt tgt gcc ttg gca aaa aag cac aag cga acc cca gcc ctg	831
Pro Val Leu Cys Ala Leu Ala Lys Lys His Lys Arg Thr Pro Ala Leu	
240 245 250	
att gcc ctg cgc tac cag ctg cag cgt ggg gtt gtg gtc ctg gcc aag	879
Ile Ala Leu Arg Tyr Gln Leu Gln Arg Gly Val Val Val Leu Ala Lys	
255 260 265 270	
agc tac aat gag cag cgc atc aga cag aac gtc cag gtt ttt gag ttc	927
Ser Tyr Asn Glu Gln Arg Ile Arg Gln Asn Val Gln Val Val Phe Glu Phe	

275

280

285

cag ttg act gca gag gac atg aaa gcc ata gat ggc cta gac aga aat 975
 Gln Leu Thr Ala Glu Asp Met Lys Ala Ile Asp Gly Leu Asp Arg Asn
 290 295 300

ctc cac tat ttt aac agt gat agt ttt gct agc cac cct aat tat cca 1023
 Leu His Tyr Phe Asn Ser Asp Ser Phe Ala Ser His Pro Asn Tyr Pro
 305 310 315

tat tca gat gaa tat taa catggaggc tttgcgtat gtctaccaga 1071
 Tyr Ser Asp Glu Tyr
 320

agccctgtgt gtggatggtg acgcagagga cgtctctatg ccggtgactg gacatatac 1131

ctctacttaa atccgtcctg ttttagcgact tcagtcaact acagctgagt ccataggcca 1191

gaaagacaat aaatttttat catttgaaa taa 1224

<210> 67

<211> 323

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 67

Met Asp Ser Lys His Gln Cys Val Lys Leu Asn Asp Gly His Phe Met
 1 5 10 15

Pro Val Leu Gly Phe Gly Thr Tyr Ala Pro Pro Glu Val Pro Arg Ser
 20 25 30

Lys Ala Leu Glu Val Thr Lys Leu Ala Ile Glu Ala Gly Phe Arg His
 35 40 45

Ile Asp Ser Ala His Leu Tyr Asn Asn Glu Glu Gln Val Gly Leu Ala
 50 55 60

Ile Arg Ser Lys Ile Ala Asp Gly Ser Val Lys Arg Glu Asp Ile Phe
 65 70 75 80

Tyr Thr Ser Lys Leu Trp Ser Thr Phe His Arg Pro Glu Leu Val Arg
 85 90 95

Pro Ala Leu Glu Asn Ser Leu Lys Ala Gln Leu Asp Tyr Val Asp
100 105 110

Leu Tyr Leu Ile His Ser Pro Met Ser Leu Lys Pro Gly Glu Glu Leu
115 120 125

Ser Pro Thr Asp Glu Asn Gly Lys Val Ile Phe Asp Ile Val Asp Leu
130 135 140

Cys Thr Thr Trp Glu Ala Met Glu Lys Cys Lys Asp Ala Gly Leu Ala
145 150 155 160

Lys Ser Ile Gly Val Ser Asn Phe Asn Arg Arg Gln Leu Glu Met Ile
165 170 175

Leu Asn Lys Pro Gly Leu Lys Tyr Lys Pro Val Cys Asn Gln Val Glu
180 185 190

Cys His Pro Tyr Phe Asn Arg Ser Lys Leu Leu Asp Phe Cys Lys Ser
195 200 205

Lys Asp Ile Val Leu Val Ala Tyr Ser Ala Leu Gly Ser Gln Arg Asp
210 215 220

Lys Arg Trp Val Asp Pro Asn Ser Pro Val Leu Leu Glu Asp Pro Val
225 230 235 240

Leu Cys Ala Leu Ala Lys Lys His Lys Arg Thr Pro Ala Leu Ile Ala
245 250 255

Leu Arg Tyr Gln Leu Gln Arg Gly Val Val Val Leu Ala Lys Ser Tyr
260 265 270

Asn Glu Gln Arg Ile Arg Gln Asn Val Gln Val Phe Glu Phe Gln Leu
275 280 285

Thr Ala Glu Asp Met Lys Ala Ile Asp Gly Leu Asp Arg Asn Leu His
290 295 300

Tyr Phe Asn Ser Asp Ser Phe Ala Ser His Pro Asn Tyr Pro Tyr Ser
305 310 315 320

Asp Glu Tyr

<210> 68

<211> 1715

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (37)..(591)

<223>

<400> 68

ccgtgctctg cctcctgtgt tccaggact ttgaac atg tcg ggg atc gcc ctc 54
Met Ser Gly Ile Ala Leu
1 5

agc aga ctc gcc cag gag agg aaa gca tgg agg aaa gac cac cca ttt 102
Ser Arg Leu Ala Gln Glu Arg Lys Ala Trp Arg Lys Asp His Pro Phe
10 15 20

gg ttc gt gct gtc cca aca aaa aat ccc gat ggc acg atg aac ctc 150
Gly Phe Val Ala Val Pro Thr Lys Asn Pro Asp Gly Thr Met Asn Leu
25 30 35

atg aac tgg gag tgc gcc att cca gga aag aaa ggg act ccg tgg gaa 198
Met Asn Trp Glu Cys Ala Ile Pro Gly Lys Lys Gly Thr Pro Trp Glu
40 45 50

gga ggc ttg ttt aaa cta cgg atg ctt ttc aaa gat gat tat cca tct 246
Gly Gly Leu Phe Lys Leu Arg Met Leu Phe Lys Asp Asp Tyr Pro Ser
55 60 65 70

tcg cca cca aaa tgt aaa ttc gaa cca cca tta ttt cac ccg aat gtg 294
Ser Pro Pro Lys Cys Lys Phe Glu Pro Pro Leu Phe His Pro Asn Val
75 80 85

tac cct tcg ggg aca gtg tgc ctg tcc atc tta gag gag gac aag gac 342
Tyr Pro Ser Gly Thr Val Cys Leu Ser Ile Leu Glu Glu Asp Lys Asp
90 95 100

tgg agg cca gcc atc aca atc aaa cag atc cta tta gga ata cag gaa 390
Trp Arg Pro Ala Ile Thr Ile Lys Gln Ile Leu Leu Gly Ile Gln Glu
105 110 115

ctt cta aat gaa cca aat atc caa gac cca gct caa gca gag gcc tac 438
Leu Leu Asn Glu Pro Asn Ile Gln Asp Pro Ala Gln Ala Glu Ala Tyr
120 125 130

acg att tac tgg tta gta gca gcc ctg gcc ccg ctg gtg gca gct cct 486
Thr Ile Tyr Trp Leu Val Ala Ala Leu Ala Pro Leu Val Ala Ala Pro
135 140 145 150

ccc cgt ccc agc caa ggc cgc ctg gca gga cgg gag tgg agc aca cag 534
Pro Arg Pro Ser Gln Gly Arg Leu Ala Gly Arg Glu Trp Ser Thr Gln
155 160 165

gct cac cct agg gac agc cag ggt ccg cgc ctc tgt ggg gaa ggt cgg 582
Ala His Pro Arg Asp Ser Gln Gly Pro Arg Leu Cys Gly Glu Gly Arg
170 175 180

ggg gca taa accctgtggg cagcaggcac cgttgcacac cgtctgggt 631
Gly Ala

ggcatggat ggccccggag ccgtgtccag gggagggagc aggccaggtg acaggggctg 691

tcttggccca ctgccccagt gagttgtggc cagctaggag gggaggacc ctggcggtgg 751

gtgccagagg aggcacatgct gagaggcctc tccaccggct cagcctcccg tggacccag 811

cctcccgccg cgccttgct gcttgcctcc atccctcta caacttggtt cttctgtgg 871

gggggcccag cccagcaggc ctcagtgacg tgatgctgtc acacggaccc tggcttcca 931

ccctgtccct gtgagggtgct gctgtggcta gaagggtccc cgtggccctg gggtcctgtc 991

tgcaccgagg agggcctggg gtgagttagg atgcagacga cagccaaaca gtgctggga 1051

aaggcaggag gaccctgccc tgagcaggagg ccatgcgccc gcctgtcctg ttccctctgc 1111

agctgttctg ggcagggtcca taagaaggtg ggttggggcc tccgacccccc actgctccgc 1171

ctgcagggtt gagaaaaccca gccccatctc accacgggtc cccacacccctc tgaggagggtc 1231

tcaaggccccca caatggccag ggaccaggaa ggctcacctg cagccacccccc acacatccct 1291

gccactgtgg gcatcagagg ccctctccct ccagggtgca tctcctggtc aggagggggg 1351

aggccccgggtt gccttaggccc cggcctgcac aggtcggtgag gaaaagcacc tggtttccggc 1411

cgggcggcgt ggctcacgct tgtaatccca gcactttggg aggccgagggt gggcgaatca 1471
tgcggtcagg agttcgagac cagcctggcc aacatggcga aaccctcgac cctactaaaa 1531
atacaaaaaaa ttagttggc gtagtggtgg gtgcctctaa tcccagctac ctgggaggct 1591
gagacaggag aatcacttga acccgggagg cggaggttgc agtgagccga gatcctgc 1651
ctgctctcca gcctggcgac ggaggaatgc tgtctcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1711
aaaaa 1715

<210> 69
<211> 184
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 69

Met Ser Gly Ile Ala Leu Ser Arg Leu Ala Gln Glu Arg Lys Ala Trp
1 5 10 15

Arg Lys Asp His Pro Phe Gly Phe Val Ala Val Pro Thr Lys Asn Pro
20 25 30

Asp Gly Thr Met Asn Leu Met Asn Trp Glu Cys Ala Ile Pro Gly Lys
35 40 45

Lys Gly Thr Pro Trp Glu Gly Gly Leu Phe Lys Leu Arg Met Leu Phe
50 55 60

Lys Asp Asp Tyr Pro Ser Ser Pro Pro Lys Cys Lys Phe Glu Pro Pro
65 70 75 80

Leu Phe His Pro Asn Val Tyr Pro Ser Gly Thr Val Cys Leu Ser Ile
85 90 95

Leu Glu Glu Asp Lys Asp Trp Arg Pro Ala Ile Thr Ile Lys Gln Ile
100 105 110

Leu Leu Gly Ile Gln Glu Leu Leu Asn Glu Pro Asn Ile Gln Asp Pro

115

120

125

Ala Gln Ala Glu Ala Tyr Thr Ile Tyr Trp Leu Val Ala Ala Leu Ala
 130 135 140

Pro Leu Val Ala Ala Pro Pro Arg Pro Ser Gln Gly Arg Leu Ala Gly
 145 150 155 160

Arg Glu Trp Ser Thr Gln Ala His Pro Arg Asp Ser Gln Gly Pro Arg
 165 170 175

Leu Cys Gly Glu Gly Arg Gly Ala
 180

<210> 70

<211> 1327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (100)..(966)

<223>

<400> 70

ctccctctccg cgcggggcgg gctccgcgcc acgtgactcc gcggccggc cgggacgcca 60

cgggacggc tgggaccggc gtcgggggtc gcggggacc atg cag cgg agg tgg 114
 Met Gln Arg Arg Trp
 l 5

gtc ttc gtg ctg ctc gac gtg ctg tgc tta ctg gtc gcc tcc ctg ccc 162
 Val Phe Val Leu Leu Asp Val Leu Cys Leu Leu Val Ala Ser Leu Pro
 10 15 20

ttc gct atc ctg acg ctg gtg aac gcc ccg tac aag cga gga ttt tac 210
 Phe Ala Ile Leu Thr Leu Val Asn Ala Pro Tyr Lys Arg Gly Phe Tyr
 25 30 35

tgc ggg gat gac tcc atc cgg tac ccc tac cgt cca gat acc atc acc 258
 Cys Gly Asp Asp Ser Ile Arg Tyr Pro Tyr Arg Pro Asp Thr Ile Thr
 40 45 50

cac ggg ctc atg gct ggg gtc acc atc acg gcc acc gtc atc ctt gtc 306
 His Gly Leu Met Ala Gly Val Thr Ile Thr Ala Thr Val Ile Leu Val

55

60

65

tgc gcc ggg gaa gcc tac ctg gtg tac aca gac cgg ctc tat tct cgc		354				
Ser Ala Gly Glu Ala Tyr Leu Val Tyr Thr Asp Arg Leu Tyr Ser Arg						
70	75	80	85			
tgc gac ttc aac aac tac gtg gct gct gta tac aag gtg ctc ggg acc		402				
Ser Asp Phe Asn Asn Tyr Val Ala Ala Val Tyr Lys Val Leu Gly Thr						
90	95		100			
tcc ctg ttt ggg gct gcc gtg agc cag tct ctg aca gac ctc gcc aag		450				
Phe Leu Phe Gly Ala Ala Val Ser Gln Ser Leu Thr Asp Leu Ala Lys						
105	110		115			
tac atg att ggg cgt ctg agg ccc aac ttc cta gcc gtc tgc gac ccc		498				
Tyr Met Ile Gly Arg Leu Arg Pro Asn Phe Leu Ala Val Cys Asp Pro						
120	125		130			
gac tgg agc cgg gtc aac tgc tcg gtc tat gtg cag ctg gag aag gtg		546				
Asp Trp Ser Arg Val Asn Cys Ser Val Tyr Val Gln Leu Glu Lys Val						
135	140		145			
tgc agg gga aac cct gct gat gtc acc gag gcc agg ttg tct ttc tac		594				
Cys Arg Gly Asn Pro Ala Asp Val Thr Glu Ala Arg Leu Ser Phe Tyr						
150	155		160		165	
tgc gga cac tct tcc ttt ggg atg tac tgc atg gtg ttc ttg gcg ctc		642				
Ser Gly His Ser Ser Phe Gly Met Tyr Cys Met Val Phe Leu Ala Leu						
170		175		180		
tat gtg cag gca cga ctc tgt tgg aag tgg gca cgg ctg ctg cga ccc		690				
Tyr Val Gln Ala Arg Leu Cys Trp Lys Trp Ala Arg Leu Leu Arg Pro						
185		190		195		
aca gtc cag ttc ttc ctg gtg gcc ttt gcc ctc tac gtg ggc tac acc		738				
Thr Val Gln Phe Phe Leu Val Ala Phe Ala Leu Tyr Val Gly Tyr Thr						
200		205		210		
cgc gtg tct gat tac aaa cac cac tgg agc gat gtc ctt gtt ggc ctc		786				
Arg Val Ser Asp Tyr Lys His His Trp Ser Asp Val Leu Val Gly Leu						
215		220		225		
ctg cag ggg gca ctg gtg gct gcc ctc act gtc tgc tac atc tca gac		834				
Leu Gln Gly Ala Leu Val Ala Ala Leu Thr Val Cys Tyr Ile Ser Asp						
230		235		240		245
tcc ttc aaa gcc cga ccc cca cag cac tgt ctg aag gag gag gag ctc		882				
Phe Phe Lys Ala Arg Pro Pro Gln His Cys Leu Lys Glu Glu Glu Leu						
250		255		260		

gaa cgg aag ccc agc ctg tca ctg acg ttg acc ctg ggc gag gct gac 930
Glu Arg Lys Pro Ser Leu Ser Leu Thr Leu Thr Leu Gly Glu Ala Asp
265 270 275

cac aac cac tat gga tac ccg cac tcc tcc tcc tga ggccggaccc 976
His Asn His Tyr Gly Tyr Pro His Ser Ser Ser
280 285

cgtcccaggca gggagctgct gtgagtcag ctgaggccca cccaggtggt ccctccagcc 1036

ctggtttaggc actgagggct ctggacgggc tccaggaacc ctgggctgat gggagcagt 1096

agcgggctcc gctccccct gccctgcact ggaccaggag tctggagatg cctgggtac 1156

cctcagcatt tggagggaa cctgttcccg tcggtccccca aatatccccct ttttttatg 1216

gggttaagga agggaccgag agatcagata gttgctgttt tgaaaaatgt aatgtatatg 1276

tggtttttag taaaataggc cacctgttcc aaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa a 1327

<210> 71

<211> 288

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 71

Met Gln Arg Arg Trp Val Phe Val Leu Leu Asp Val Leu Cys Leu Leu
1 5 10 15

Val Ala Ser Leu Pro Phe Ala Ile Leu Thr Leu Val Asn Ala Pro Tyr
20 25 30

Lys Arg Gly Phe Tyr Cys Gly Asp Asp Ser Ile Arg Tyr Pro Tyr Arg
35 40 45

Pro Asp Thr Ile Thr His Gly Leu Met Ala Gly Val Thr Ile Thr Ala
50 55 60

Thr Val Ile Leu Val Ser Ala Gly Glu Ala Tyr Leu Val Tyr Thr Asp
65 70 75 80

Arg Leu Tyr Ser Arg Ser Asp Phe Asn Asn Tyr Val Ala Ala Val Tyr
85 90 95

Lys Val Leu Gly Thr Phe Leu Phe Gly Ala Ala Val Ser Gln Ser Leu
100 105 110

Thr Asp Leu Ala Lys Tyr Met Ile Gly Arg Leu Arg Pro Asn Phe Leu
115 120 125

Ala Val Cys Asp Pro Asp Trp Ser Arg Val Asn Cys Ser Val Tyr Val
130 135 140

Gln Leu Glu Lys Val Cys Arg Gly Asn Pro Ala Asp Val Thr Glu Ala
145 150 155 160

Arg Leu Ser Phe Tyr Ser Gly His Ser Ser Phe Gly Met Tyr Cys Met
165 170 175

Val Phe Leu Ala Leu Tyr Val Gln Ala Arg Leu Cys Trp Lys Trp Ala
180 185 190

Arg Leu Leu Arg Pro Thr Val Gln Phe Phe Leu Val Ala Phe Ala Leu
195 200 205

Tyr Val Gly Tyr Thr Arg Val Ser Asp Tyr Lys His His Trp Ser Asp
210 215 220

Val Leu Val Gly Leu Leu Gln Gly Ala Leu Val Ala Ala Leu Thr Val
225 230 235 240

Cys Tyr Ile Ser Asp Phe Phe Lys Ala Arg Pro Pro Gln His Cys Leu
245 250 255

Lys Glu Glu Glu Leu Glu Arg Lys Pro Ser Leu Ser Leu Thr Leu Thr
260 265 270

Leu Gly Glu Ala Asp His Asn His Tyr Gly Tyr Pro His Ser Ser Ser
275 280 285

<210> 72
<211> 2980
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (274)..(519)
<223>

<220>
<221> misc-feature
<222> (2974)..(2974)
<223> n = a, t, g or c

<400> 72
ggccgctcct gctgctgcta ctgcccgc cgcagcggt gctcgggctg agcacgcccc 60

ggaacaggcc gccgcgcgc ggcgcgcggc cccgcgtgccc ctgcccggccc ggccgggtcg 120

ggcgcccaag ggaccgacag acttgacaac ggtgacagca ctggggcggc accttcttac 180

ttctgcccag ccacagccct cccctcacag ttgagcacct gtttgcctga agttaatttc 240

cagaaggcagg agtccccaga gccaggcagg ggg atg aac cgc gag gga gct ccc 294
Met Asn Arg Glu Gly Ala Pro
1 5

ggg aag agt ccg gag gag atg tac att cag cag aag gtc cga gtg ctg 342
Gly Lys Ser Pro Glu Glu Met Tyr Ile Gln Gln Lys Val Arg Val Leu
10 15 20

ctc atg ctg cgg aag atg gga tca aac ctg aca gcc agc gag gag gag 390
Leu Met Leu Arg Lys Met Gly Ser Asn Leu Thr Ala Ser Glu Glu Glu
25 30 35

ttc ctg cgc acc tat gca ggg gtg gtc aac agc cag ctc agc cag ctg 438
Phe Leu Arg Thr Tyr Ala Gly Val Val Asn Ser Gln Leu Ser Gln Leu
40 45 50 55

cct ccg cac tcc atc gac cag ggt gca gag gac gtc gtg atg gcg ttt 486
Pro Pro His Ser Ile Asp Gln Gly Ala Glu Asp Val Val Met Ala Phe
60 65 70

tcc agg tcg gag acg gaa gac cgg agg cag tag ctgcaaagcc cttggAACAC 539
Ser Arg Ser Glu Thr Glu Asp Arg Arg Gln
75 80

cctggatgct gttgaaggc caagagatct gtgtggctcc tggccggct gaatggcagc 599

agccccccctt gccccacctc ccccttcctt acccaaccct gcctgcccc accccacctc 659
acagctactc agtggggctg gcataagg agacaccagt ggtgcgttta taattggctt 719
aaaggatgg acttgtgatt ggctgcagga agaaactttt ttatTTTTA aatcttgacc 779
aacagaaacc ttttatTTTT atttctgact cttatTTTTT aaaaatttg cgccctcggtA 839
tctggcttcc ctggaagctc tccgagctct ggtgcTTtag ttaggtcatt ttttagaaa 899
tgtgaagagg tctgattggc tgcttaaact ggaaaggac tgtgattggc tggtaatgg 959
gaaacggttt tttctttgg ctgcaggtgt tctgctgata tcaacagctt ccctatTTTg 1019
aatgcagaaa acagggtctg ggacatttagt cgttatTTT gacttgaAAA gaaagaaacc 1079
aagtgcgcTT tgcaatatTT attacacaaa gaacttgctg ctgcTTcac atTTgggTTT 1139
tgtgtttgat tggctttcga tgcgtgtgtt tggTTTCCCA ttggTTcacc tgtgactcct 1199
gttgccatgg attcacCCCC ctctgctgcc ggctctggc ctgagggTcc acctggagag 1259
tacatTTgct ttaatgagtg cacctgcctc caccAGcaag gggacCCCga gaaccctgag 1319
cagggTccac agctggaaag ttggggccctt gaggagCTT gtgtcgTctt gaacgagcag 1379
cccagggcct agaggtAACc gttaggcggg atTTatgtgc actgcctgca tgagctggca 1439
accagccagc gtcccttggt gagaaggGA ttgctgaggc accgtccagg ccccacGGC 1499
caggcccggc ccagcagagg cgtactaccc agctctgtcc tcttggccat cttctgtgt 1559
accacttcct gaggcctcat tttgggggtc atcttgaaa gggaggAGC ttctcccagt 1619
gtgagacccc aaagactctg gaggtcatct ggCGggaggTC tctgggagcc cagaacccac 1679
ataaaagccc cagcttggct cacaaggccc aggagacctc cagctaAAACA ccaacccctg 1739
acctaACCCa gccaggctcc tacctgtctg ctgcacAGCAC agtaggtccc ggccagctct 1799
ggagttctct catggaggc ccatGCCCTC cactCCactg CCTTggaaAg ggtctctctc 1859
caggtcagcc tggaaaggac agtATCGTTT gTTTatgaaa tgccactggg acagctggct 1919
gggcTTcac caagcaagtc cttcagact ggCCCTTAAG ccaaACTcAG gcccagaATT 1979
gcagttcaga atggcagtcc tggaggcagg gggtgaggGG caggtctAGt gttcctgac 2039
caaacctaag tccttccacc tgccACCCCC ttccctggGA gggaggtggT cctcctatct 2099

ccctggctca	ctggcaggtg	tggatctgg	ggagagcggc	tggagaaaga	tgcagtcc	2159
aggaaagggg	ccgccaccc	ccccatatgct	ggtagatgct	gaggccccta	ggtgccccagg	2219
gccagtgga	ccctctcaga	accaaattttt	tccctttct	cggggcttgg	ggctcgggcc	2279
gttaggggctc	ctgagtgta	tgaagtgcac	aggagccaaa	tgaccgagcc	ctggagagcc	2339
ccatggtgtgg	taggtggttc	gtgctgtgct	ctggcaccat	cagcctgttc	cagaaggagg	2399
attcgagcat	caggctaaga	ccctgtgtcc	tccaccatgc	actcacccct	agccctgg	2459
agctgacagt	cagctgtggg	gaacacagct	acaaccctac	cctggcaggg	acctgagagc	2519
atctcaggag	gggcagcgca	tgtgtgcatt	tgctgtgtga	gtgagcacac	ccgtgtgcac	2579
actcatacac	atgtgcacac	acacgcactc	tccctggctca	ggggccttgg	gtctggctg	2639
agccccctggg	gaaagggtgag	ttctttcattc	tccctccctcc	aggtcgag	gcctggagtc	2699
aggtgtcgag	gccacattgc	tggctgcccc	ctctttgttag	ctcctataaa	ggggccacac	2759
ctgggtggata	cctgggttgag	cgtgtggtct	ctgccccagc	ctgtccctgt	cacgatcaca	2819
ggccttgc	ttgttaacaat	gatgaccccg	gcctgtctca	tcttctgaag	aggaaaagtc	2879
aaagtgttgc	tgtggctcca	tatttcaact	aaaaatataat	ctgttggaga	aagaaaattaa	2939
caataaagaa	ttttcatagg	ttaaaaaaaaaa	aaaanaaaaaa	g		2980

<210> 73
<211> 81
<212> P R T
<213> Homo sapiens

<400> 73

Met Asn Arg Glu Gly Ala Pro Gly Lys Ser Pro Glu Glu Met Tyr Ile
 1 5 10 15

Gln Gln Lys Val Arg Val Leu Leu Met Leu Arg Lys Met Gly Ser Asn
20 25 30

Leu Thr Ala Ser Glu Glu Glu Phe Leu Arg Thr Tyr Ala Gly Val Val
 35 40 45

Asn Ser Gln Leu Ser Gln Leu Pro Pro His Ser Ile Asp Gln Gly Ala
50 55 60

Glu Asp Val Val Met Ala Phe Ser Arg Ser Glu Thr Glu Asp Arg Arg
65 70 75 80

Gln

<210> 74

<211> 2153

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (589)..(1356)

<223>

<400> 74

cagcggccgg gagggggctc cggggaccat ggggctcctg accattctga agaagatgaa 60

gcagaaaagag cggagactgc gactgctcat gcttggcctg gacaatgctg gaaagacaac 120

catcctgaag aagttcaatg gggaggacat cgacaccatc tccccaaacgc tgggcttcaa 180

catcaagacc ctggagcacc gaggattcaa gctgaacatc tggatgtgg gtggccagaa 240

gtccctggg tcctactggc ggaactactt tgagagcacc gatggcctca tctggtagt 300

ggacagcgca gaccggcagc gcatgcagga ctgccagcg gagctccaga gcctgctgg 360

ggaggagtg a cttgggttta cgcttcacca cagagaagga acttttcaga cgctccctt 420

gcgcgcacc cgggatcgg a cagcgctgt cacttgcac aaaaatcccta ggccagagga 480

agaagagcgc aggctggc gaggcgccgg cggggggagg ctggggccgg ggggtggg 540

cggcgaggag gtggaggccg gcgctccgt ccgctccagc tcggtttc atg tcc cgc 597

Met Ser Arg

1

cag gcg aag gat gac ttc ctg cgg cac tac aca gtg tcg gac ccc agg 645

Gln Ala Lys Asp Asp Phe Leu Arg His Tyr Thr Val Ser Asp Pro Arg

5

10

15

act	cac	ccc	aag	gac	tac	acc	gag	tac	aaa	gtt	acc	gct	cgg	cag	ttc	atc	693
Thr	His	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Lys	Val	Thr	Ala	Gln	Phe	Ile		
20					25					30					35		
tca	aag	aag	gac	cca	gag	gat	gtc	aaa	gag	gtg	gtg	gtc	tgg	aag	cgg	741	
Ser	Lys	Lys	Asp	Pro	Glu	Asp	Val	Lys	Glu	Val	Val	Val	Trp	Lys	Arg		
					40				45					50			
tac	agc	gac	ttc	cgc	aag	ctg	cat	gga	gac	ctg	gcc	tac	acc	cac	cgc	789	
Tyr	Ser	Asp	Phe	Arg	Lys	Leu	His	Gly	Asp	Leu	Ala	Tyr	Thr	His	Arg		
					55				60					65			
aac	ctc	ttc	cgc	cgc	ctc	gag	gag	ttc	cct	gct	ttc	ccc	cgg	gcc	cag	837	
Asn	Leu	Phe	Arg	Arg	Leu	Glu	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Pro	Arg	Ala	Gln		
					70			75					80				
gtg	ttt	ggc	cgg	ttt	gaa	gcc	tca	gtg	atc	gag	gag	cgg	cga	aag	ggg	885	
Val	Phe	Gly	Arg	Phe	Glu	Ala	Ser	Val	Ile	Glu	Glu	Arg	Arg	Lys	Gly		
					85			90					95				
gca	gag	gac	ctg	ctt	cgc	ttc	act	gtg	cac	ata	cct	gcg	ctc	aac	aac	933	
Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Arg	Phe	Thr	Val	His	Ile	Pro	Ala	Leu	Asn	Asn		
					100			105			110			115			
agc	ccc	cag	ctc	aag	gag	ttc	ttc	cgg	ggt	ggg	gag	gtg	acc	cga	ccc	981	
Ser	Pro	Gln	Leu	Lys	Glu	Phe	Phe	Arg	Gly	Gly	Glu	Val	Thr	Arg	Pro		
					120			125					130				
ttg	gag	gtg	tcc	agg	gac	cta	cac	atc	ctg	cca	ccc	ccc	cct	ctg	atc	ccc	1029
Leu	Glu	Val	Ser	Arg	Asp	Leu	His	Ile	Leu	Pro	Pro	Pro	Leu	Ile	Pro		
					135			140					145				
acc	ccc	ccc	ccc	cct	gat	gac	ccc	cgg	cta	tcc	caa	ctg	ctc	ccc	gca	gaa	1077
Thr	Pro	Pro	Pro	Asp	Asp	Pro	Arg	Leu	Ser	Gln	Leu	Leu	Pro	Ala	Glu		
					150			155					160				
agg	agg	ggc	ctc	gag	gaa	ttg	gag	gtg	cca	gtg	gac	ccc	cca	cca	tcc	1125	
Arg	Arg	Gly	Leu	Glu	Glu	Leu	Glu	Val	Pro	Val	Asp	Pro	Pro	Pro	Ser		
					165			170			175						
agc	cct	gcc	cag	gag	gcc	ctg	gat	ctc	ctc	ttt	aac	tgt	gag	agc	acc	1173	
Ser	Pro	Ala	Gln	Glu	Ala	Leu	Asp	Leu	Leu	Phe	Asn	Cys	Glu	Ser	Thr		
					180			185			190			195			
gag	gag	gca	tct	ggt	tcc	cct	gcc	cga	ggc	ccc	ctc	acc	gag	gct	gag	1221	
Glu	Glu	Ala	Ser	Gly	Ser	Pro	Ala	Arg	Gly	Pro	Leu	Thr	Glu	Ala	Glu		
					200			205					210				
ctt	gcc	ctc	ttc	gac	ccc	ttc	tcc	aag	ggt	gac	ccg	ttg	cct	gcc	cgc	1269	
Leu	Ala	Leu	Phe	Asp	Pro	Phe	Ser	Lys	Gly	Asp	Pro	Leu	Pro	Ala	Arg		

215

220

225

cag gaa ggt gtg aag aag aag gca gct gag tac ctg aag cgg gca gag	1317
Gln Glu Gly Val Lys Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Lys Arg Ala Glu	
230 235 240	
 gag atc ctg cgc ctg cac ctg tct caa ctc cca ccc taa cagggagtg	1366
Glut Ile Leu Arg Leu His Leu Ser Gln Leu Pro Pro	
245 250 255	
 gccatccct gggactctca ctccctgcact gccagccct tctccctctcc ccagggcctg	1426
gccttacctc ctggtcttgt aattacagga gccatttctg taggttaactg gaccaagaat	1486
gagaaaaata atgaattctt agctccctga ttacacctgc caccttggaa tccaggactc	1546
acacttctga ccctgcctgt ctttttggg ttttttgag ttggagtctc gctgtgtcgc	1606
ccagactgga gtgcagtggt gggatcgccg ctcactgcaa cctccaccc tcaggttcaa	1666
gcagttctcc tgtctcagcc tccccagtag ctgagattgc aggcacatgc caccacgccc	1726
agctaataatt ttgtatttc agtagggacg gggttacacc atgttggcca ggctggtctc	1786
gaactcctga cctcaagtga tccacccgcc tcagtcctccc aaagtgcgtga gattacaggg	1846
atgagtcact acgccccggcc catgtctgtc tgtcttgatg tgtgagcagc agctgtggtc	1906
attaaaccat tagtttaccc ctctagaact ggggtctgca aactcccacc tgcagccaaa	1966
tctggcccac ctctttta atgtaagggc tgtgagagtg gttttactt ttttaatga	2026
ttaaaaaaat caaaataata ttctgtgaca atgacaggtg aaatttatat gtgacaagtg	2086
aaaattatat gaaatttaag agtccataaa taaaatttgt tggAACACAA aaaaaaaaaa	2146
aaaaaaa	2153

<210> 75
<211> 255
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 75

Met Ser Arg Gln Ala Lys Asp Asp Phe Leu Arg His Tyr Thr Val Ser	
1 5 10 15	

Asp Pro Arg Thr His Pro Lys Gly Tyr Thr Glu Tyr Lys Val Thr Ala
20 25 30

Gln Phe Ile Ser Lys Lys Asp Pro Glu Asp Val Lys Glu Val Val Val
35 40 45

Trp Lys Arg Tyr Ser Asp Phe Arg Lys Leu His Gly Asp Leu Ala Tyr
50 55 60

Thr His Arg Asn Leu Phe Arg Arg Leu Glu Glu Phe Pro Ala Phe Pro
65 70 75 80

Arg Ala Gln Val Phe Gly Arg Phe Glu Ala Ser Val Ile Glu Glu Arg
85 90 95

Arg Lys Gly Ala Glu Asp Leu Leu Arg Phe Thr Val His Ile Pro Ala
100 105 110

Leu Asn Asn Ser Pro Gln Leu Lys Glu Phe Phe Arg Gly Gly Glu Val
115 120 125

Thr Arg Pro Leu Glu Val Ser Arg Asp Leu His Ile Leu Pro Pro Pro
130 135 140

Leu Ile Pro Thr Pro Pro Pro Asp Asp Pro Arg Leu Ser Gln Leu Leu
145 150 155 160

Pro Ala Glu Arg Arg Gly Leu Glu Glu Leu Glu Val Pro Val Asp Pro
165 170 175

Pro Pro Ser Ser Pro Ala Gln Glu Ala Leu Asp Leu Leu Phe Asn Cys
180 185 190

Glu Ser Thr Glu Glu Ala Ser Gly Ser Pro Ala Arg Gly Pro Leu Thr
195 200 205

Glu Ala Glu Leu Ala Leu Phe Asp Pro Phe Ser Lys Gly Asp Pro Leu
210 215 220

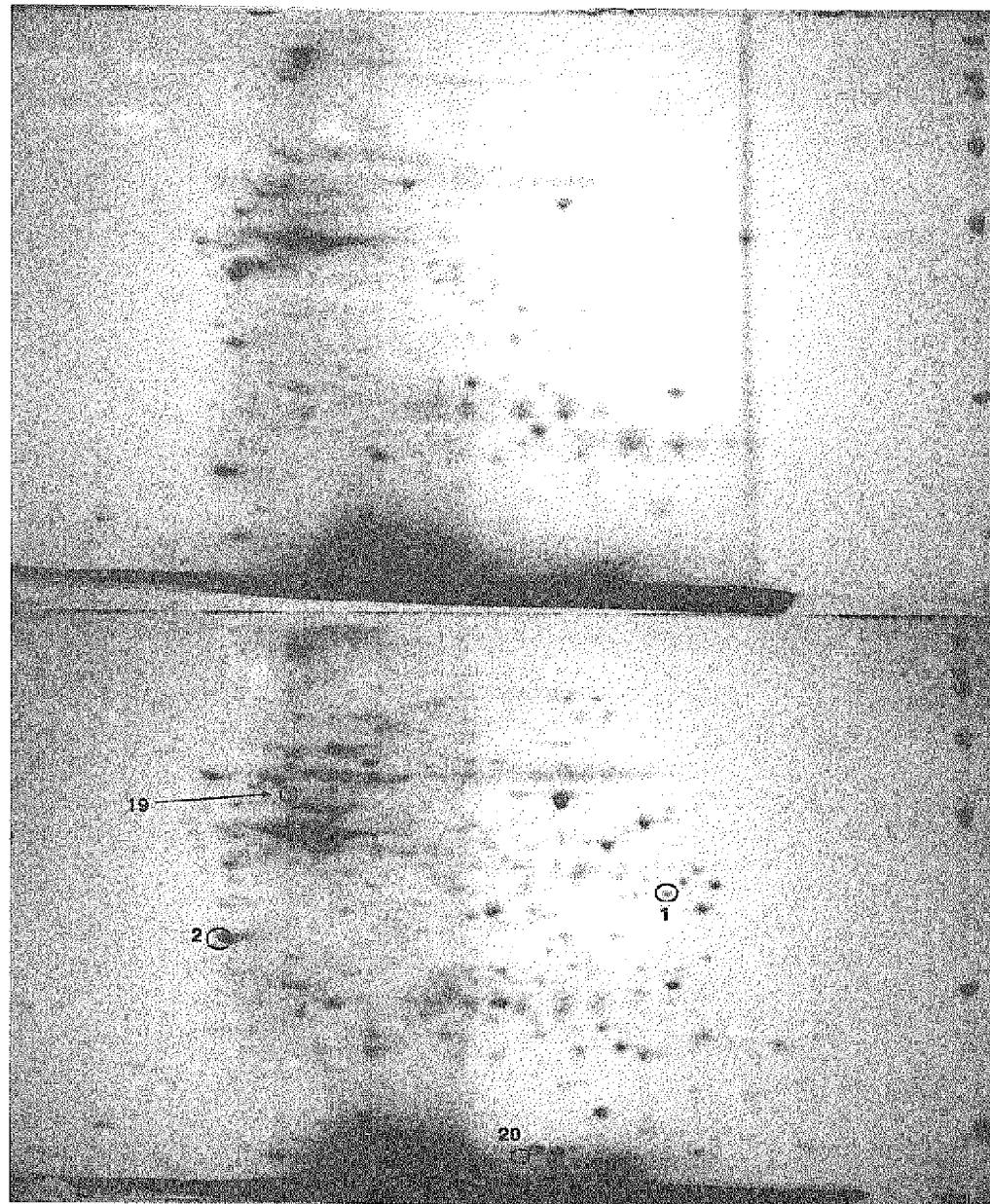
Pro Ala Arg Gln Glu Gly Val Lys Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Lys
225 230 235 240

Arg Ala Glu Glu Ile Leu Arg Leu His Leu Ser Gln Leu Pro Pro
245 250 255

【書類名】 図面
【図 1 A】

Normal

Tumor

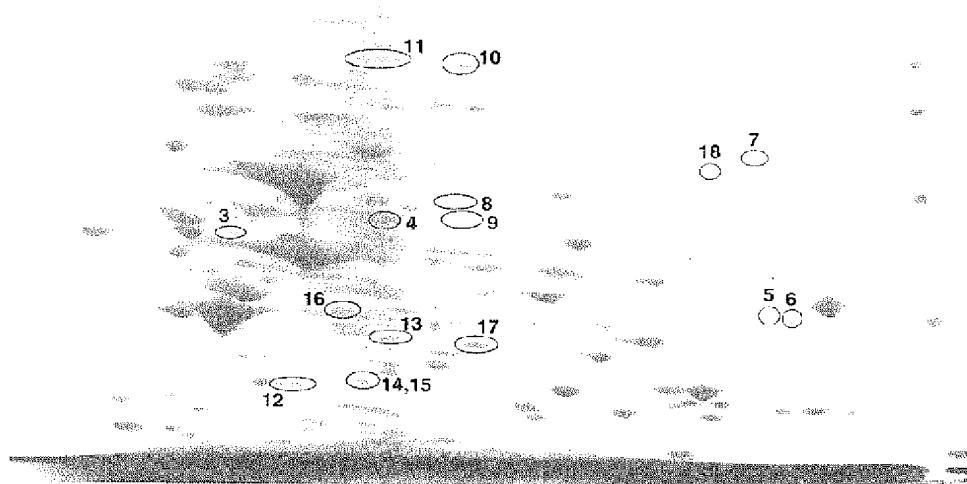


【図 1 B】

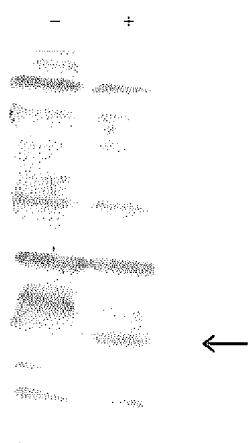
Normal



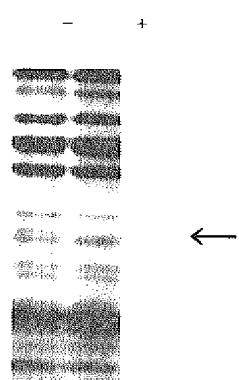
Tumor



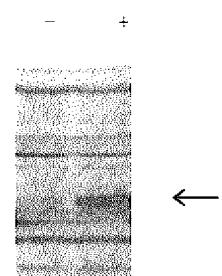
【図 2】



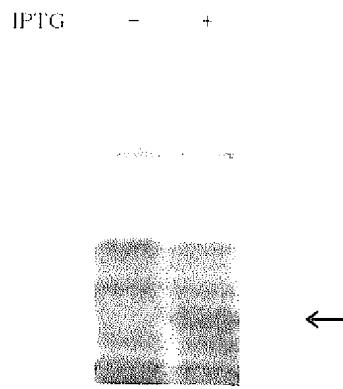
【図 3】



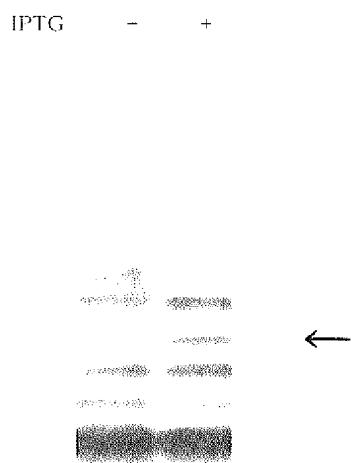
【図 4】



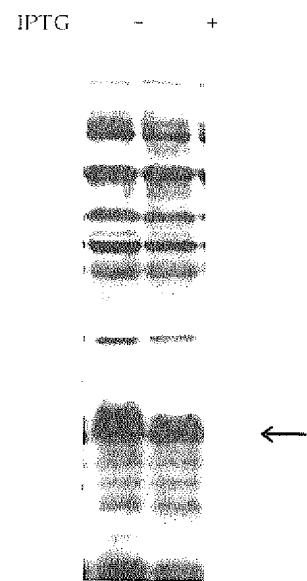
【図 5】



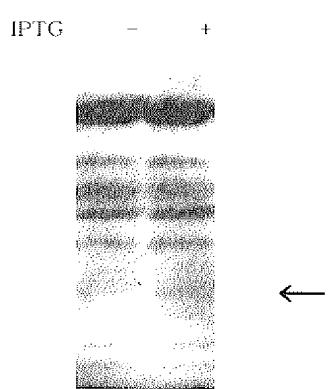
【図 6】



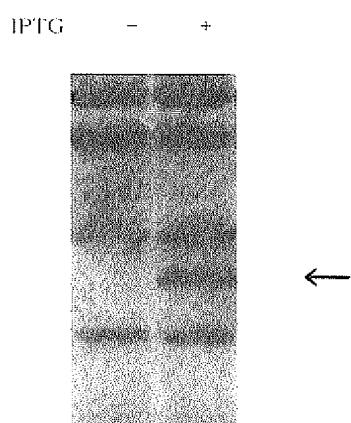
【図 7】



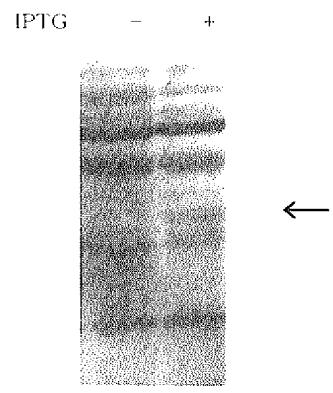
【図 8】



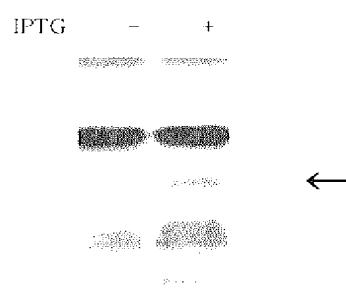
【図 9】



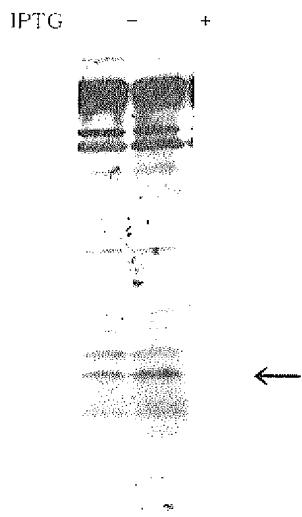
【図 1 0】



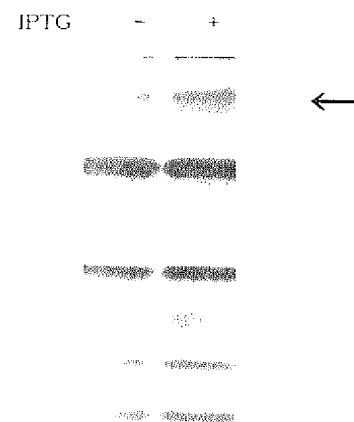
【図 1 1】



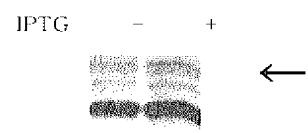
【図 1-2】



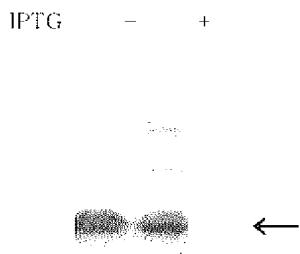
【図 1-3】



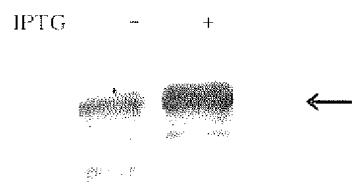
【図 1-4】



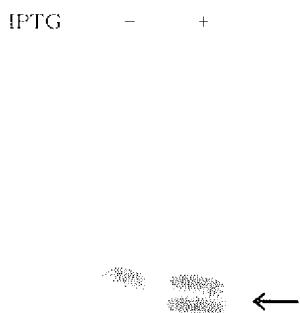
【図 1-5】



【図 1-6】



【図 1-7】



【図 1 8】



【図 1 9】



【図 2 0】



【書類名】要約書

【要約】

【課題】 新規な固体癌抗原タンパク質、並びに該抗原タンパク質に基づく固体癌診断キット及び固体癌治療剤の提供。

【解決手段】 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固体癌抗原ポリペプチド。

【選択図】 なし

【書類名】出願人名義変更届
【整理番号】P04-0027
【提出日】平成17年 3月16日
【あて先】特許庁長官 殿
【事件の表示】
【出願番号】特願2004- 95732
【承継人】
【住所又は居所】千葉県市川市若宮 1-13-6
【氏名又は名称】島田 英昭
【承継人】
【住所又は居所】千葉県千葉市中央区春日 2-5-10 西千葉ヒルズ春日 405
号
【氏名又は名称】朝長 穀
【承継人】
【住所又は居所】千葉県千葉市中央区星久喜町 1063-28
【氏名又は名称】日和佐 隆樹
【承継人】
【住所又は居所】千葉県千葉市中央区矢作町 540-36
【氏名又は名称】松下 一之
【承継人】
【住所又は居所】千葉県千葉市中央区汐見が丘 7-15
【氏名又は名称】落合 武徳
【承継人代理人】
【識別番号】100091096
【弁理士】
【氏名又は名称】平木 祐輔
【選任した代理人】
【識別番号】100096183
【弁理士】
【氏名又は名称】石井 貞次
【選任した代理人】
【識別番号】100118773
【弁理士】
【氏名又は名称】藤田 節
【選任した代理人】
【識別番号】100120905
【弁理士】
【氏名又は名称】深見 伸子
【手数料の表示】
【予納台帳番号】015244
【納付金額】4,200円

出願人履歴

5 0 3 3 6 0 1 1 5

20031001

新規登録

埼玉県川口市本町4丁目1番8号

独立行政法人 科学技術振興機構

5 0 3 3 6 0 1 1 5

20040401

名称変更

埼玉県川口市本町4丁目1番8号

独立行政法人科学技術振興機構